بهینه‌یابی سریع خرپا با استفاده از الگوریتم ژنتیک موازی تحت قید قابلیت اعتماد با بهبود روش جبری نیروها و هوش مصنوعی★

علی کاوه[۱]		وحیدرضا کلات جاری[۲]		پوریا منصوریان[۳]

چکیده *در بیش‌تر تحقیق‌های انجام‌شده در زمینه‌ی بهینه‌یابی سازه‌ها برای پرهیز از محاسبه‌های طولانی، احتمال خرابی سیستم سازه‌ای مستقیماً به‌طور محافظه‌کارانه از روی اعضا محاسبه شده است. بدیهی است که استفاده از این فرضیات محافظه‌کارانه در بهینه‌یابی منجر به نتایج نامطلوب اقتصادی می‌شود. هدف این مقاله ارائه‌ی چند راهکار برای تسریع بهینه‌یابی خرپا با استفاده از الگوریتم ژنتیک تحت قید قابلیت اعتماد سیستم سازه‌ای است. در راهکار اول در روش شاخه و کرانه با توجه به قوانین احتمال، معیاری برای کنار گذاشتن تعدادی از مسیرها و عدم تولید آن‌ها تعیین می‌شود. راهکار دوم بهبود روش جبری نیروها و استفاده از این روش سریع به‌جای روش مرسوم سختی است. راهکار سوم استفاده از عامل‌های هوش مصنوعی در شناسایی مسیرهای خرابی تکراری در تحلیل هر کروموزوم و هم‌چنین تعیین شایستگی به‌ترین کروموزوم‌های هر نسل است که منجر به جلوگیری از محاسبات اضافی و کاهش چشم‌گیر زمان محاسبات می‌شود. با استفاده از راهکار چهارم کروموزوم‌هایی که احتمال خرابی آن‌ها به مقدار قابل توجهی بیش‌تر یا کم‌تر از مقدار مجاز است، در حین تحلیل شناسایی می‌شوند و تحلیل آن‌ها در همان مرحله و بسیار زودتر از موعد تمام می‌شود. راهکارهای اول، سوم و چهارم با اندکی تغییر قابل تعمیم به قاب‌ها خواهد بود. در این تحقیق به تحلیل قابلیت اعتماد و بهینه‌یابی خرپای ۲۵ میله‌ای و گنبد ۱۲۰ میله‌ای پرداخته شد که در نتیجه‌ی استفاده از راهکار اول، در زمان بسیار کوتاه کران احتمال خرابی باریک‌تری تعیین شد و هم‌چنین استفاده از هر یک از سایر راهکارها منجر به کاهش حجم و زمان محاسبات گردید.*

واژه‌های کلیدی قابلیت اعتماد، احتمال خرابی سیستم سازه‌ای، روش جبری بهبود یافته‌ی نیروها، روش شاخه و کرانه ، هوش مصنوعی.

Fast Reliability-Based Optimization Using Parallel Genetic Algorithm, Developed Force Method and Artificial Intelligence

A. Kaveh		V.R. Kalatjari		P. Mansourian

Abstract *The aim of this paper is to present four strategies to increase the accuracy and speed of optimization of truss structures under the constraint of Structural System Failure Probability (SSFP). In the first strategy based on the probability rules, a criterion is defined to avoid producing many correlated paths and obtain more accurate upper bound of SSFP. In the second strategy, the force method formulation is improved and employed to analyze trusses with different topologies. In the third strategy two intelligent agents are utilized to identify the repeated paths and determine the fitness of the best chromosomes in each generation. Using the fourth strategy, the chromosomes, whose SSFP is much larger or smaller than the allowable value, are identified during the analysis and the analysis is terminated at that stage.*

Keywords Reliability Analysis, Structural System Failure Probability, Improved Algebraic Force Method, Branch and Bound Method, Artificial Intelligence.

★تاریخ دریافت مقاله ۸۹/۷/۲۸ و تاریخ پذیرش آن ۹۱/۹/۲۷ می‌باشد.

(۱) نویسنده‌ی مسوول: استاد، دانشکده عمران، دانشگاه علم و صنعت ایران.

(۲) استادیار، دانشکده عمران و معماری، دانشگاه صنعتی شاهرود.

(۳) استادیار، دانشکده عمران و معماری، دانشگاه صنعتی شاهرود.

مقدمه

برای اطمینان از عملکرد صحیح یک سازه ابتدا باید عواملی را که باعث ایجاد عدم قطعیت می‌شوند، بادقت شناسایی کرد. در بسیاری از سازه‌ها بارهای وارد، جنس مصالح و غیره کمیت‌های غیر قطعی هستند و همواره به‌طور تخمینی در مسائل در نظر گرفته می‌شوند. ماهیت تصادفی این متغیرها باعث ایجاد یک فضای احتمالاتی در روند تحلیل و طراحی سازه‌ها می‌شود.

اولین راه برای در نظر گرفتن این عدم قطعیت‌ها، استفاده از ضرایب ایمنی بار و مقاومت است. در این حالت کمیت‌های مسأله مانند بار و مقاومت در ضرایب ایمنی نظیر خود ضرب می‌شود و طراحی صورت می‌پذیرد. این نوع طراحی اولین سطح طراحی براساس نظریه‌ی قابلیت اعتماد سازه‌ها است. این سطح طراحی صرفاً برای طراحی یک عضو سازه‌ای منفرد کاربرد دارد و اندرکنش اعضای سازه را در نظر نمی‌گیرد.

در سطوح پیشرفته‌تر نظریه قابلیت اعتماد (سطوح دوم و سوم) کمیت‌های مسأله همراه با واریانس یا تابع چگالی احتمال خود در تحلیل و طراحی در نظر گرفته می‌شوند. در این حالت ابتدا تعریفی برای خرابی در نظر گرفته می‌شود، سپس تابع حالت حدی به‌صورت تفاضل مقاومت و بار تعریف می‌گردد. پس از آن احتمال خرابی سیستم سازه‌ای با توجه به همبستگی‌های میان کمیات مسأله قابل تعیین است.

بهینه‌یابی سازه‌ها تحت قید قابلیت اعتماد سیستم سازه‌ای، بالاترین سطح مسائل (سطح چهارم) در زمینه‌ی قابلیت اعتماد است [۱]. در این حالت هدف پیدا کردن سازه‌ای با کم‌ترین وزن است، به‌طوری‌که احتمال خرابی سیستم آن از مقدار معینی تجاوز نکند.

در چند دهه‌ی اخیر محققان متعددی در زمینه‌ی قابلیت اعتماد فعالیت داشته و روش‌های گوناگونی برای تعیین احتمال خرابی سیستم‌های سازه‌ای ارائه کرده‌اند. یکی از متداول‌ترین این راه‌ها، تعیین احتمال خرابی سیستم سازه‌ای از طریق تعیین مسیرهای خرابی است. روش شاخه و کرانه (branch and bound method) [2] و روش مسیرهای کوتاه شده (truncated enumeration method)[3] از معروف‌ترین این روش‌ها به‌شمار می‌روند.

در این روش‌ها ابتدا مسیرهای محتمل خرابی از مسیرهای کم اهمیت جدا می‌شود و کران بالا و پایین احتمال خرابی سیستم سازه‌ای بر اساس مسیرهای خرابی محتمل برآورد می‌گردد. استفاده از این روش‌ها با مشکلاتی همراه است که عمده‌ترین معایب آن، زمان زیاد لازم برای تعیین مسیرهای خرابی و اختلاف زیاد کرانه‌ای بالا و پایین است. برخی از محققان تلاش‌هایی برای رفع این مشکلات انجام داده‌اند [4]، لیکن هنوز امکان استفاده از این روش‌ها در مسائل بهینه‌یابی سازه‌ها با توجه به زمان‌بر بودنشان وجود ندارد.

بنابراین بسیاری از محققان برای تعیین احتمال خرابی سیستم سازه‌ای و استفاده از آن در مسائل بهینه‌سازی از فرضیات ساده‌کننده و محافظه‌کارانه استفاده کرده‌اند. کریستنسن و موروتسو [2]، توغان و دالغلو [5,6] و قاسمی، قلعه‌نوی و مستخدمین حسینی [7] با یک فرض ساده‌کننده و محافظه‌کارانه، احتمال خرابی کل خرپا را برابر با مجموع احتمال خرابی اعضای آن در نظر گرفتند. آن‌ها با استفاده از این فرض ساده‌کننده به بهینه‌یابی سازه‌های خرپایی پرداختند.

بدیهی است استفاده از این فرضیات محافظه‌کارانه در بهینه‌یابی منجر به نتایج نامطلوب اقتصادی می‌شود. برای رفع این نقیصه در این تحقیق چهار راهکار ارائه شده است که با استفاده از آن‌ها جواب بهینه با فرضیاتی منطقی‌تر و واقعی‌تر تعیین می‌شود و از طرف دیگر زمان محاسبات به نحو قابل‌توجهی کاهش می‌یابد.

در راهکار اول برای تعیین احتمال خرابی یک مسیر، عضوی که خرابی آن و خرابی عضو اول مسیر کوچک‌ترین احتمال مشترک را پدید می‌آورند، شناسایی می‌شود. سپس کلیه مسیرهای بعدی که از عضو شناسایی‌شده منشعب می‌شوند، کنار گذاشته

می‌شود. عدم تولید این مسیرها باعث صرفه‌جویی بسیار قابل‌توجهی در زمان محاسبات می‌شود.

در راهکار دوم با بهبود در روابط روش جبری نیروها (Algebraic force method) امکان استفاده از آن برای خرپاهای با توپولوژی متغیر ایجاد می‌شود. روش جبری نیروها در تحلیل خرپاها در دو مورد نسبت به روش مرسوم سختی برتری دارد. اول این‌که نیروهای اعضا به‌طور مستقیم و بدون واسطه تعیین می‌شود و به همین دلیل برای تحلیل قابلیت اعتماد کارایی مناسبی دارد. مزیت دوم این‌که روش نیروها نیاز به حل دستگاه معادلات با بعد کوچک‌تری دارد (به تعداد مجهولات اضافی به‌جای تعداد درجات آزادی فعال در روش سختی). بنابراین این روش برای مسائلی مانند بهینه‌یابی که در آن‌ها نیاز به تحلیل مکرر خرپا وجود دارد، کارایی بیشتری دارد [8, 9]. هم‌چنین ماتریس‌های B_0 و B_1 که در این روش برای تعیین نیروهای اعضا به‌کار می‌روند (در ادامه تشریح خواهد شد)، مستقل از خصوصیات مصالح و سطح مقطع اعضا است. بنابراین کافی است فقط یک بار این ماتریس‌ها برای یک خرپا محاسبه شوند و پس از آن می‌توان به کرات در تحلیل این خرپا با سطوح مقطع متفاوت و با توپولوژی یکسان از آن‌ها استفاده کرد [8, 9].

برای تعیین احتمال خرابی یک خرپای نامعین مستلزم باید تحلیل‌های مکرر خرپا پس از حذف هر میله‌ی آن تا رسیدن به ناپایداری صورت پذیرد. خرپاهای به وجود آمده در اثر حذف پیاپی میله‌ها از لحاظ توپولوژی با یکدیگر تفاوت دارند.

در این تحقیق از روابط روش نیروها به گونه‌ای استفاده شده است که بتوان از آن در تحلیل خرپا با توپولوژی متفاوت استفاده نمود و در نتیجه با جلوگیری از تحلیل‌های تکراری، سرعت محاسبات را بالا برد.

راهکار سوم استفاده از تکنیک‌های هوش مصنوعی است. در این تحقیق در دو فاز متفاوت از عامل‌های هوشمند استفاده می‌شود. فاز اول ذخیره‌سازی مسیرهای خرابی و شناسایی مسیرهای تکراری در تحلیل قابلیت اعتماد هر کروموزوم است. با شناسایی مسیرهای خرابی تکراری و جلوگیری از انجام محاسبات اضافی برای آن‌ها، در زمان محاسبات صرفه‌جویی می‌شود. یکی از محاسن فاز اول راهکار سوم این است که از مسیرهای خرابی تعیین‌شده برای کروموزوم اول نسل اول می‌توان برای سایر کروموزوم‌های نسل‌های بعدی الگوریتم ژنتیک استفاده کرد.

در فاز دوم از عامل هوشمند یادگیرنده در جلوگیری از محاسبات اضافی در تعیین شایستگی کروموزوم‌های هر نسل استفاده شده است. در بهینه‌یابی با استفاده از الگوریتم ژنتیک پس از گذشت چند نسل، تعداد کروموزوم‌های تکراری افزایش می‌یابد. حتی ممکن است از یک کروموزوم خاص چندین کپی در جمعیت یک نسل موجود باشد. با استفاده از عامل هوشمند فاز دوم فقط یک‌بار این کروموزوم‌ها تحلیل و شایستگی آن‌ها ذخیره می‌شود. و در صورت تکرار این کروموزوم‌ها در نسل‌های بعدی، مورد شناسایی قرار می‌گیرند و از تحلیل‌های تکراری جلوگیری می‌شود. راهکار سوم در نسل‌های پایانی الگوریتم ژنتیک نقش بسیار مؤثری دارد.

در راهکار چهارم از مقدار احتمال خرابی مجاز (قید مسأله‌ی بهینه‌یابی) برای کاهش حجم محاسبات در تعیین احتمال خرابی کروموزوم‌ها استفاده می‌شود. با استفاده از این راهکار کروموزوم‌هایی که احتمال خرابی آن‌ها به مقدار قابل توجهی بیش‌تر یا کم‌تر از مقدار مجاز است، در حین تحلیل شناسایی و تحلیل آن‌ها در همان مرحله و بسیار زودتر از موعد تمام می‌شود. این راهکار در نسل‌های اول الگوریتم ژنتیک که جمعیت آن هنوز ماهیت تصادفی دارد، از کاربرد بیش‌تری برخوردار است.

در ادامه هر یک از راهکارها تشریح می‌شود. پس از آن ارتباط بین آن‌ها مورد بحث و بررسی قرار

می‌گیرد و در انتها با ذکر مثال‌هایی تأثیر و کارایی آن‌ها ارزیابی می‌شود.

احتمال خرابی سیستم‌های سازه‌ای

یکی از تعاریف خرابی برای سازه‌ها رسیدن به ناپایداری کلی است. در حالت کلی یک سازه از مسیرهای گوناگونی به ناپایداری می‌رسد، لیکن احتمال وقوع این مسیرهای خرابی با یکدیگر متفاوت است. بسیاری از این مسیرها احتمال وقوع بسیار کوچکی دارد به‌طوری‌که محاسبه‌ی آن‌ها تأثیری در ارزیابی احتمال خرابی کل سازه ندارد و فقط زمان تحلیل را افزایش می‌دهد. در نتیجه معمولاً احتمال خرابی سیستم‌های سازه‌ای با کنار گذاشتن این مسیرها و در نظر گرفتن مسیرهای خرابی محتمل و با استفاده از کرانه‌های متداول نظیر کرنل، دیتلفسن یا غیره تعیین می‌شود[10, 11].

نحوه‌ی تولید مسیرهای خرابی و تعیین احتمال آن‌ها با توجه به همبستگی‌های موجود در مراجع [2,12] قابل مطالعه است.

روش شاخه و کرانه. در این مقاله برای شناسایی مسیرهای خرابی حاکم و تعیین احتمال خرابی سیستم خرپاهای نامعین از روش شاخه و کرانه استفاده شده است [2].

عملیات شاخه‌ای. در عملیات شاخه‌ای، عضو (r_i) در مرحله‌ی i ام از یک مسیر چنان انتخاب می‌شود که خرابی آن نسبت به سایر اعضای باقیمانده، بیش‌ترین احتمال مشترک را با خرابی اولین عضو آن مسیر یعنی r_1 داشته باشد.

$$P(F_{r_1}^{(1)} \cap F_{r_i}^{(i)}) = \max\{P(F_{r_1}^{(1)} \cap F_{j}^{(i)})\} \quad j = \{\text{survived members}\} \qquad (۱)$$

بالا نویس i در رابطه‌ی فوق نشان دهنده‌ی خرپایی است که اعضای r_1 تا r_{i-1} خود را از دست داده است. احتمال وقوع یک مسیر در مرحله i ام شامل اعضای حذف شده r_1 تا r_{i-1} از رابطه‌ی (۲) به‌دست می‌آید.

$$P_i = P\{\bigcap_{j=1}^{i} (F_{r_j}^{(j)})\} \qquad (۲)$$

روند فوق تا مرحله‌ی F که سازه ناپایدار می‌شود ادامه می‌یابد. تعیین احتمال مشترک رابطه‌ی (۲) زمانی که تعداد اعضا از ۳ بیش‌تر باشد بسیار دشوار و زمان‌بر است [2]. در این حالت معمولاً از روابط تقریبی استفاده می‌شود. در این مقاله از رابطه‌ی (۳) برای تخمین احتمال خرابی هر مسیر استفاده شده است [12].

$$P_{f_F} = \mathrm{Min}\{P_{f_{1,2}}, P_{f_{1,3}}, \dots, P_{f_{1,F}}\} ;$$

$$P_{f_{1,j}} = P(F_{r_1}^{(1)} \cap F_{r_j}^{(j)}) \; ; j=2,\dots,F \qquad (۳)$$

مزیت استفاده از فرمول تقریبی فوق این است که نیازی به ذخیره‌سازی داده‌های مربوط به کلیه‌ی مراحل عملیات شاخه‌ای نیست و فقط لازم است نتایج مربوط به مرحله‌ی اول یعنی سازه‌ی اولیه ذخیره شود.

تنظیم کران‌های پایین و بالا. بر اساس روش کرنل احتمال خرابی سازه‌ی بزرگ‌تر یا مساوی حداکثر احتمال خرابی کلیه‌ی مسیرها و کوچک‌تر یا مساوی مجموع احتمالات خرابی مسیرها است. لذا در روش شاخه و کرانه طبق روش کرنل کران بالا و پایین احتمال خرابی یعنی P_{fs}^{U} و P_{fs}^{L} به شرح زیر تعیین می‌شود.

کران پایین. پس از تخمین احتمال خرابی هر مسیر جدید $P_{f,new}$ در حین عملیات شاخه‌ای (از رابطه‌ی ۳) شرط زیر کنترل می‌شود.

آیا $P_{f,new}$ از احتمال محتمل‌ترین مسیری که تاکنون به‌دست آمده یعنی $MaxP_f$ بزرگ‌تر است یا خیر؟ در صورت مثبت بودن پاسخ، مقدار $P_{f,new}$ در $MaxP_f$ قرار داده می‌شود.

$$\text{if } P_{f,new} > MaxP_f \Rightarrow MaxP_f = P_{f,new} \quad (٤)$$

طبق مطالب بیان‌شده P_{fs}^{L} برابر با احتمال محتمل‌ترین مسیر خرابی است. بنابراین در پایان عملیات شاخه و کرانه مقدار $MaxP_f$ به‌عنوان کران پایین احتمال خرابی سیستم سازه‌ای در نظر گرفته می‌شود.

$$P_{fs}^{L} = MaxP_f \quad (٥)$$

کران بالا. پس از تعیین $P_{f,new}$ مطابق آن‌چه گفته شد این مقدار با مجموع احتمالات خرابی مسیرهایی که تاکنون به‌دست آمده یعنی $SumP_f$ جمع می‌شود.

$$SumP_f = SumP_f + P_{f,new} \quad (٦)$$

همان‌گونه که بیان شد P_{fs}^{U} برابر با مجموع احتمالات مسیرهای خرابی است. بنابراین در پایان عملیات شاخه و کرانه $SumP_f$ به‌عنوان کران بالای احتمال خرابی سازه در نظر گرفته می‌شود.

$$P_{fs}^{U} = SumP_f \quad (٧)$$

عملیات کرانه‌ای. این عملیات مشخص می‌کند که آیا اعضایی که قرار است در هر مرحله برای عملیات شاخه‌ای انتخاب شوند، منجر به یک مسیر خرابی محتمل می‌شوند یا خیر. اعضایی که شرط فوق را نداشته باشند توسط عملیات کرانه‌ای کنار گذاشته می‌شوند.

احتمال وقوع یک مسیر در طول عملیات شاخه‌ای مرتباً کاهش می‌یابد. به‌عبارت دیگر احتمال آن‌که اعضای ۱ تا P خراب شود کم‌تر از احتمال خرابی اعضای ۱ تا *P-1* است. اکنون زمانی که در عملیات شاخه‌ای قرار است اعضا در مسیرهای خرابی جدید انتخاب شوند می‌توان احتمال وقوع آن‌ها را با $MaxP_f.10^{-\eta}$ مقایسه کرد. چنان‌چه احتمال وقوع مسیر جدید قبل از تشکیل مکانیزم کوچک‌تر از عدد فوق باشد، با اضافه شدن عضوهای بعدی احتمال آن کوچک‌تر هم خواهد شد. لذا در همین مرحله می‌توان نتیجه گرفت که مسیر یادشده نمی‌تواند مسیر مناسبی باشد. به عمل حذف مسیرهای با احتمال کوچک‌تر، عمل کرانه‌ای یا شاخه‌ای می‌گویند. انتخاب مقدار η بستگی به دقت مسأله و نظر طراح دارد. هرچه مقدار η بزرگ‌تر در نظر گرفته شود تعداد مسیرهای صرف نظر شده کم‌تر بوده و دقت محاسبات بالاتر. از طرف دیگر می‌توان نتیجه گرفت که محتمل‌ترین مسیری که در عملیات کرانه‌ای کنار گذاشته شده است، احتمال وقوع کوچک‌تری نسبت به $MaxP_{f_p}.10^{-\eta}$ دارد. عملیات شاخه و کرانه تا جایی ادامه می‌یابد که دیگر هیچ عضوی برای انتخاب وجود نداشته باشد.

روش جبری نیروها در تحلیل استاتیکی سازه‌ها

روابط اصلی و تاریخچه‌ی روش جبری نیروها را می‌توان در مراجع [13,14] پیدا نمود. کاوه و کلات جاری در سال‌های ۲۰۰۲ و ۲۰۰٤ در مراجع [8,9] با ارائه‌ی فرمول‌بندی به‌تر در روش جبری نیروها، از آن در بهینه یابی خرپاها توسط الگوریتم ژنتیک استفاده کردند. پس از آن رهامی، کاوه و قلی‌پور [15] از روش مجتمع نیروها و روش‌های انرژی در بهینه‌سازی توپولوژی خرپاها توسط الگوریتم ژنتیک استفاده کردند.

در روش نیروها معادلات تعادل کل سازه، مستقل از خصوصیات مکانیکی مصالح به‌صورت رابطه‌ی ماتریسی زیر قابل بیان است :

$$P_{n\times 1} = H_{n\times m}\cdot r_{m\times 1} \quad (٨)$$

در رابطه‌ی بالا n برابر درجات آزادی فعال گرهی، m برابر تعداد اعضا، P بردار n بعدی بارهای گرهی، H ماتریس تعادل $n\times m$ و **r** بردار m بعدی نیروهای عضوی است. هر یک از سطرهای ماتریس H ، رابطه‌ی تعادل نیروهای اعضای متصل به گره مربوط با بارهای خارجی در جهت درجه‌ی آزادی مفروض را بیان

می‌کند. به این ترتیب بـرای یـک گـره فعـال خرپـا در فضای سه‌بعدی، سـه شـرط $\sum F_x = 0$، $\sum F_y = 0$ و $\sum F_z = 0$ ارتباط نیروهای اعضای متصل به گره مورد نظر با بارهای خارجی را برقرار نموده‌است و سه سطر پیاپی از ماتریس H را پر می‌کند.

در یـک سـازه‌ی پایـدار صـلب بـه‌ازای $t = m - n \geq 0$ مـاتریس H دارای مرتبـه‌ی کامـل سطری است؛ به عبارت دیگر رنک H برابر با n اسـت. t تعداد مجهولات اضافی یا درجات نامعینی اسـتاتیکی سازه می‌باشد.

روش نیروها مشـتمل بـر دو گـام در نظـر گرفتـه می‌شود. در گام نخست ماتریس‌های B_0 و B_1 به‌نحوی پیدا می‌شود که بـردار نیروهـای عضـوی r در رابطـه‌ی (۸) به‌صورت زیر بیان شود:

$$r_{m\times 1} = B_{0_{m\times n}} \cdot P_{n\times 1} + B_{1_{m\times t}} \cdot q_{t\times 1} \qquad (۹)$$

در این رابطه B_0 یک ماتریس $m\times n$ بعدی است بـه‌طـوری‌کـه $B_0 \, \mathbf{H}\cdot$ معـادل مـاتریس واحـد $n\times n$ می‌شود. هر ستون B_0 مبـین نیروهـای ایجـاد شـده در اعضای سازه‌ی صلب معین اولیه در صورت اعمال بـار واحد در جهت هر یک از درجات آزادی گرهی است. B_1 مـاتریس $m\times t$ از مرتبـه‌ی کامـل سـتونی اسـت به‌نحوی‌که $B_1 \, \mathbf{H}\cdot$ معادل ماتریس صفر می‌گردد. تعداد ستون‌های ماتریس B_1 برابر درجات نامعینی اسـتاتیکی است و هر ستون آن نشانگر سیستم نیروهـای عضـوی است که با خود (در غیاب بارهـای خـارجی) در حـال تعادل است و به بردار پوچی یـا سیسـتم خـودمتعـادل معروف است. در رابطه‌ی (۹) بردار q از مرتبـه‌ی t بـه بردار نیروهای مجهول اضافی و ماتریس B_1 به ماتریس پایه‌های پوچی یا ماتریس تـنش خـودمتعـادل موسـوم است.

جهت تعیین روابط کلی برای مـاتریس‌هـای B_0 و B_1 ماتریس تعادل H رابطه‌ی (۸) بـه دو زیـرمـاتریس H_1 و H_2 تجزیـه مـی‌شـود. در یـک سـازه‌ی صـلب، زیرماتریس H_1 دارای مرتبه‌ی کامل سطری n است (به عبارت دیگر H_1^{-1} وجود دارد) و مربوط بـه نیروهـای داخلی اعضای سازه‌ی معـین اولیـه صـلب یعنـی $F_{n\times 1}$ می‌باشد. زیرماتریس H_2 نیز دارای مرتبه کامل ستونی t بوده و اختصاص بـه نیروهـای مجهـول اضـافی $q_{t\times 1}$ دارد. به‌این ترتیب رابطه‌ی (۸) به‌صـورت جدیـد زیـر قابل نمایش است:

$$P = \left[\, H_1 \,|\, H_2 \,\right] \begin{Bmatrix} F \\ \hline q \end{Bmatrix} = H_1 \cdot F + H_2 \cdot q \qquad (۱۰)$$

چنان‌چه رابطه‌ی فوق برای بـردار نیـروی **F** حـل شود، نتیجه می‌شود:

$$F = H_1^{-1} \cdot P + \left(-H_1^{-1} H_2 \right) q \qquad (۱۱)$$

حال اگر به رابطه‌ی فوق بردار **q** افزوده گـردد، در قیاس بـا رابطـه‌ی (۹) مـی‌تـوان روابـط زیـر را بـرای ماتریس‌های B_0 و B_1 نتیجه گرفت:

$$B_0 = \begin{bmatrix} H_1^{-1} \\ 0 \end{bmatrix} \text{ و } B_1 = \begin{bmatrix} -H_1^{-1} H_2 \\ I \end{bmatrix} \qquad (۱۲)$$

با توجه به این‌که درایه‌های ماتریس‌های F و q بـا توجه به شماره‌گذاری اعضـا در سـطرهای مربـوط در بردار نیروهای داخلی r واقع شـده‌انـد، لـذا سـطرهای مـاتریس صـفر $O_{t\times n}$ در تعریـف B_0 بـه‌طـور نظیـر سطرهای مـاتریس واحـد $I_{t\times t}$ در تعریـف B_1 بایسـتی به‌ترتیب در سطرهای مربوط به اعضای مجهول اضـافه (واقع شده درr) قرار گیرند. این جابه‌جایی سـطرها در بعضـی نمادهـای فرمـول‌بنـدی روش نیروهـا توسـط ماتریس‌های جایگشت نمایش داده شده‌اند. باید توجـه داشت که بسته به انتخاب مجهولات اضافه در بردار **q**، تعداد متعددی ماتریس B_0 و B_1 می‌توان تشـکیل داد. روش‌های متنوعی وجود دارد که بتوان ماتریس‌های B_0 و B_1 خوب کـه پـر صـفر، نـواری و مـوزون هسـتند،

به‌دست آورد [13].

در گام دوم روش نیروها با استفاده از اصل کار مجازی و سازگاری تغییر شکل‌ها، دستگاه معادلات زیر برای کسب بردار q حل می‌شود :

$$\left(B_1^t F_m B_1\right)\cdot q = -\left(B_1^t F_m B_0\right)\cdot P \qquad (۱۳)$$

در رابطه‌ی فوق F_m ماتریس قطری $m\times m$ مربوط به نرمی اعضا و $G = B_1^t F_m B_1$ ماتریس نرمی کل سازه می‌باشد. یک ماتریس B_1 نواری سبب نواری شدن ماتریس G خواهد شد [13]. تغییر مکان‌های گرهی نیز توسط رابطه‌ی زیر قابل ارزیابی است:

$$d_{n\times 1} = B^t_{0_{n\times m}}\cdot F_{m_{m\times m}}\cdot r_{m\times 1} \qquad (۱٤)$$

در این تحقیق از روش LU برای تعیین ماتریس‌های B_0 و B_1 استفاده شده است. در این روش ماتریس نرمی $G = B_1^t F_m B_1$ متقارن و معین- مثبت به‌دست می‌آید و با استفاده از روش چولسکی می‌توان بردار **q** را به‌سرعت تعیین نمود و نیازی به کنترل‌های ممانعت از تقسیم عدد بر صفر یا جذر عدد منفی وجود ندارد. روش تجزیه گاوس- جردن (Gauss – Jordan Decomposition Method) و روش بازگشتی(LU Turn Back LU Factorization) نیز در مرجع [١٦] معرفی شده است.

روش افراز LU

فرمول‌بندی اولیه‌ی این روش توسط کانکو و همکاران [17] صورت پذیرفت و پس از آن کاوه و کلات جاری در مرجع [8] با ارائه‌ی روابط جدید، راندمان و سرعت آن را افزایش دادند. در این روش ماتریس تعادل به‌صورت $H=\left[H_1,H_2\right]$ به‌نحوی تجزیه می‌شود که $H_1=LU$ باشد. H_1 ماتریس مربعی غیرویژه $n\times n$ و ستون‌های آن منتخبی از ستون‌های غیروابسته (مستقل) ماتریس H می‌باشد. L ماتریس غیرویژه‌ی پایین مثلثی و U ماتریس غیرویژه‌ی بالا مثلثی با درایه‌های واحد بر قطر اصلی آن می‌باشد. با استفاده از روابط (۱۵) ستون‌های ماتریس‌های L و U به‌طور هم‌زمان و یکی پس از دیگری تولید و در صورتی که درایه‌ی قطر اصلی ماتریس L صفر شود، برای جلوگیری از ویژه شدن ماتریس H_1، ستون نظیر از ماتریس H که یک ستون وابسته است و متناظر با شماره‌ی عضو مجهول اضافی، نادیده گرفته می‌شود و محاسبات از ستون بعدی دنبال خواهد شد. به‌این‌ترتیب، ستون‌های وابسته از ماتریس H که یکسان با تعداد مجهولات اضافی می‌باشند، عناصر ماتریس H_2 از مرتبه‌ی $n\times t$ را تشکیل می‌دهند.

به‌ازای $j = 1,2,\ldots,n$

$$u_{mj} = \frac{h_{mj} - \sum_{i=1}^{m-1} l_{mi}u_{ij}}{l_{mm}}\ ;\ m = 1,2,\ldots,j-1$$

$$l_{ij} = h_{ij} - \sum_{k=1}^{j-1} l_{ik}u_{kj}\ ;\ i = j, j+1,\ldots,n$$

$$u_{jj} = 1.0 \qquad (۱۵)$$

در روابط بالا hij، lij و uij به ترتیب درایه‌های سطر i و ستون j از ماتریس‌های H ، L و U می‌باشند.

با تشکیل ماتریس‌های $H_1 = LU$ و H_2 در یک سازه‌ی پایدار، طبق روابط (۱۲) ماتریس‌های B_0 و B_1 به‌دست می‌آیند.

$$B_l = \begin{bmatrix} -H_l^{-1}H_2 \\ I \end{bmatrix}_{m\times t} \quad \text{(۱۲ تکراری)}$$

و

$$B_0 = \begin{bmatrix} H_l^{-1} \\ O \end{bmatrix}_{m\times n}$$

H_1^{-1} را می‌توان به‌راحتی با استفاده از روش‌های محاسبات عددی مانند روش تجزیه LU به‌دست آورد [18]. زیرماتریس O در ماتریس B_0 صفر از مرتبه‌ی $t\times n$ و زیرماتریس I در ماتریس B_1 ماتریس واحد از مرتبه‌ی $t\times t$ است. سطرهای این دو زیرماتریس پس از انجام عملیات جابه‌جایی سطری مناسب، به‌ترتیب در

سطرهای مربوط به مجهولات اضافی قرار می‌گیرد. ماتریس B_1 که به‌این‌ترتیب حاصل می‌شود، به‌صورت پلکانی است که درایه‌های صفر در گوشه‌ی سمت چپ و پایین ماتریس قرار می‌گیرد. مرحله‌ی بعدی محاسبات، به‌کارگیری روابط (۱۳و ۹) برای محاسبه‌ی بردار مجهولات اضافی و نیروهای داخلی اعضا است. تغییر مکان‌های گرهی را می‌توان از رابطه‌ی (١٤) محاسبه کرد لیکن در تحلیل قابلیت اعتماد کاربردی ندارد.

الگوریتم ژنتیک موازی

الگوریتم ژنتیک ساده توسط مرجع [19] پایه‌ریزی شد و طی سال‌های بعد تحقیقات بسیار زیادی درباره‌ی آن انجامرگرفت [23-20]. این روش بهینه‌یابی علی‌رغم تمامی مزایایش، بسیار وقت‌گیر است. خوشبختانه روابط حاکم در الگوریتم ژنتیک به گونه‌ای است که می‌توان از پردازش موازی در آن استفاده نمود.

تاکنون تحقیقات زیادی در زمینه‌ی موازی کردن پردازش در الگوریتم ژنتیک صورت پذیرفته است. پردازش موازی در اکثر این تحقیقات به دو صورت عمده انجام شده است [26-24]: موازی‌سازی مستقیم [27] و موازی‌سازی جزیره‌ای [28,29].

سیستم اول که به Master-Slave موسوم است، شامل یک پردازشگر اصلی و n−1 پردازشگر فرعی است. در این سیستم پردازشگر اصلی کروموزوم‌های یک نسل را بین پردازشگرهای فرعی تقسیم می‌کند. این پردازشگرها به‌طور موازی به محاسبه‌ی شایستگی کروموزوم‌های خود پرداخته و نتایج را به پردازشگر اصلی ارسال می‌کنند. اکنون وظیفه‌ی تولید نسل جدید بر عهده‌ی پردازشگر اصلی است. در اغلب مسائل مهندسی حجم بالایی از محاسبات (بین ۸۵ تا ۹۵ درصد) صرف تعیین شایستگی هر کروموزوم می‌شود [27]، لذا استفاده از پردازشگرهای موازی تأثیر قابل‌توجهی در کاهش زمان محاسبات دارد.

در سیستم جزیره‌ای که به الگوریتم ژنتیک توزیع‌شده معروف است، ابتدا جمعیت اولیه به چند زیرجمعیت (جزیره) تقسیم می‌شود و هر یک از جزایر توسط یک پردازشگر به‌طور مستقل به بهینه‌سازی می‌پردازد. پس از گذشت چند نسل برای جلوگیری از ایجاد بهینه‌ی محلی و ایجاد تنوع در جواب، به‌ترین کروموزوم‌های هر جزیره به جزایر دیگر مهاجرت می‌کنند. در هنگام مهاجرت این کروموزوم‌ها، یک کپی از آن‌ها در جزیره‌ی مبدأ نگداشته می‌شود. کروموزوم‌های مهاجر که شایسته‌ترین کروموزوم‌های جزیره‌ی مبدأ بوده‌اند، جایگزین بدترین کروموزوم‌های جزیره‌ی مقصد می‌شوند. عمل مهاجرت به‌صورت متناوب تا رسیدن به شرط پایان بهینه‌یابی انجام می‌شود.

به تعداد نسل‌های بین دو مهاجرت، وقفه‌ی مهاجرت و به تعداد کروموزوم‌های مهاجر، نرخ مهاجرت می‌گویند.

عیب عمده‌ی سیستم Master- Slave نسبت به پردازش جزیره‌ای، حجم بالای داده‌های انتقالی بین پردازشگرهای فرعی و اصلی است [30]. در این سیستم در هر نسل باید تمامی کروموزوم‌ها به پردازشگرهای فرعی ارسال و پس از تعیین شایستگی پس فرستاده شود. در حالی که در سیستم پردازش جزیره‌ای عمل مهاجرت بین جزایر با تعداد محدودی انجام می‌شود. به‌طور کلی پردازش موازی جزیره‌ای دارای مزایای زیر است :

حجم داده‌های انتقالی با توجه به محدود بودن تعداد مهاجرت‌های بین جزایر، پایین است.

با توجه به کوچک بودن جمعیت هر جزیره، عملیاتی مانند مرتب‌سازی کروموزوم‌ها، انتخاب و غیره سریع‌تر انجام می‌شود.

مهاجرت کروموزوم‌های شایسته‌ی هر جزیره به جزایر دیگر باعث می‌شود تا جواب‌های متنوعی ایجاد شود و از ایجاد بهینه‌ی محلی خودداری گردد.

در ایـن سیسـتم امکـان اسـتفاده از پارامترهـا و روش‌های گونـاگون الگـوریتم ژنتیـک در هـر یـک از جزایر وجود دارد. این پارامترها تـأثیر قابل‌تـوجهی در بهینه‌یابی دارند. در یک الگوریتم ژنتیک سـاده یـا یـک سیستم Master-Slave لازم است از پیش چنـدین بـار بهینه یابی انجام شـود تـا مقـداری صـحیح بـرای ایـن پارامترها و روشی مناسب تعیین شود. در حالی کـه در روش جزیـره‌ای بـا توجـه بـه تعـدد جزایـر، امکـان به‌کارگیری پارامترها و روش‌های گوناگون وجود دارد، لذا تعداد مراحل آزمون و خطا و احتمال گیر افتادن در بهینه‌ی محلی به طـور قابـل تـوجهی کـاهش مـی‌یابـد [28,29,31].

به‌طور خلاصـه، هـر دو سیسـتم پـردازش مـوازی مستقیم و جزیره‌ای باعث افـزایش سـرعت محاسـبات می‌شوند، لیکن روش جزیره‌ای علاوه بر آن‌که سریع‌تـر است، سرعت همگرایی بیشتری داشـته و نیـز احتمـال قرار گرفتن در بهینه‌ی محلی را کاهش می‌دهد.

در مرجع [28, 29] از روش موازی جزیره‌ای برای بهینه یابی خرپاها استفاده شده است. در تحقیق یادشده مقادیر مختلفی برای نرخ ادغام و نرخ جهش در جزایر استفاده شده اسـت. در مرجـع [٣١] بـرای هـر یـک از جزایر، پارامترها و قوانین بـه‌دسـت آمـده از تحقیقـات معروف گذشته مورد استفاده قرار گرفته است.

در ایـن تحقیـق از روش مـوازی جزیـره‌ای بـرای بهینه‌یابی استفاده می‌شود. بـدین منظـور یـک شـبکه‌ی کامپیوتری شامل ۵ کامپیوتر با مشخصـات جـدول (١) به‌کار گرفتـه مـی‌شـود. هـر کـامپیوتر بـه یـک جزیـره اختصاص داده می‌شود. هر یک از جزایر با پارامترهـا و روابط مختص خود به بهینه‌یابی مـی‌پـردازد. اطلاعـات مربوط به هر جزیره و پارامترهـای مربـوط در جـدول (٢) ارائه شده است.

جدول ١ مشخصات سیستم‌های کامپیوتری مورد استفاده

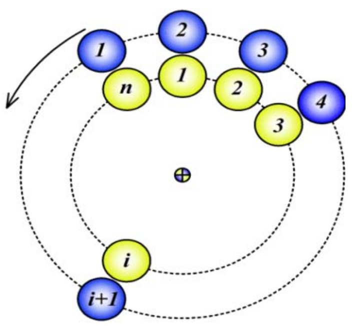
Number ofProccessor	5
Proccessor Type	Intell PIV 2.4 Celerone
CPU Cache	128 KB
Momory Per Proccessor	512 MB
OS	MS-Windows XP
Compiler	MS-Visual Basic 6.0
Communication Type	Realtek 10/100 Mbps Ethenet

جدول ٢ مشخصات جزایر در پردازش موازی

	١	٢	٣	٤	٥
روش انتخاب	T	RW	Rnk	T	RW
روش ادغام	2P	1P	3P	2P	1P
نرخ ادغام	٠/٠٢٥	٠/٠١	٠/٠٤	٠/٠٠١	٠/٠٠٥
نرخ جهش ٪	٧٥	٨٥	٦٠	١٠٠	٩٠

T: مسابقه‌ای RW: چرخ‌گردان Rnk : رتبه‌بندی
1P: تک نقطه‌ای 2P: دو نقطه‌ای 3P: سه نقطه‌ای

در اکثر تحقیقات انجام شده از دو روش برای انتخـاب جزیره‌ی مقصد استفاده شده اسـت [30]. در روش اول جزیره‌ی مقصد به‌صورت رندوم انتخـاب مـی‌شـود. در روش دوم مهـاجرت کرومـوزوم‌هـا از هـر جزیـره بـه جزیره‌ی همسایه صورت می‌پذیرد. ایراد ایـن دو روش این است که ممکـن اسـت برخـی از جزایـر اصـلاً بـا یکدیگر ارتباط برقرار نکنند. در این تحقیق بـرای رفـع ایـن نقیصـه، یـک الگـوریتم مطـابق شـکل (١) بـرای مهاجرت کروموزوم‌ها پیشنهاد می‌شود.



شکل ١ چگونگی انتخاب جزیره‌ی مقصد

در شکل (۱) حلقه‌های درونی و بیرونی به‌ترتیب نشان دهنده‌ی جزایر مبدأ و مقصد در اولین مهاجرت هستند. مطابق این شکل در مهاجرت اول، کروموزوم‌های شایسته‌ی جزیره i ام به جزیره‌ی i+1 ام مهاجرت می‌کنند. در هنگام مهاجرت دوم حلقه‌ی بیرونی در خلاف جهت حرکت عقربه‌های ساعت می‌چرخد و جزیره‌ی i+2 ام به‌عنوان جزیره‌ی مقصد کروموزوم‌های شایسته جزیره‌ی i ام انتخاب می‌شود. در n امین مهاجرت جزیره i ام روبه‌روی خود قرار می‌گیرد. انتقال از یک جزیره به خود آن جزیره مفهومی ندارد لذا حلقه‌ی بیرونی یک بار دیگر می‌چرخد و جزیره i+1 ام انتخاب می‌شود. به‌این‌ترتیب، حلقه‌ی بیرونی یک دور کامل می چرخد و همه چیز از ابتدا آغاز می‌شود. استفاده از این الگوریتم باعث می‌شود تا انتقال بین جزایر به صورت مطمئن‌تر و سریع‌تری صورت پذیرد.

وقفه‌ی مهاجرت و نرخ مهاجرت تأثیر مهمی در یافتن بهینه‌ی کلی دارد. چنان‌چه عمل مهاجرت زیاد صورت پذیرد و تعداد کروموزوم‌های مهاجر زیاد باشد، جزایر فرصت تولید کروموزوم‌های تکامل یافته‌تر را از دست می‌دهند. در این حالت کروموزوم‌ها پیوسته از بین می‌روند و کروموزوم‌های جزایر دیگر جای آن‌ها را می‌گیرند. چنان‌چه وقفه‌ی مهاجرت و نرخ آن کوچک باشد جزایر نسبت به یکدیگر ایزوله می‌شوند و مزایای استفاده از یک جمعیت بزرگ از بین می‌رود [25].

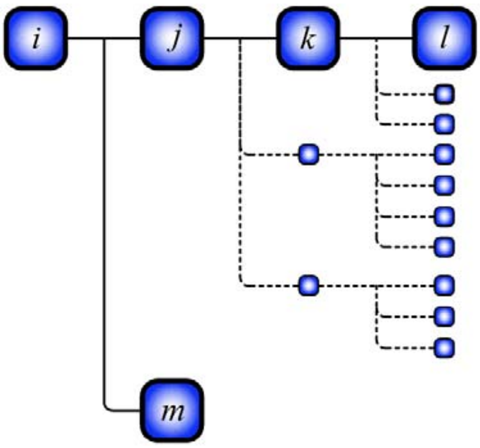
راهکارهای پیشنهادی

در این مقاله چهار راهکار برای کاهش حجم و زمان محاسبات در فرآیندربهینه‌یابی سازه‌های خرپایی با استفاده از الگوریتم ژنتیک تحت قید قابلیت اعتماد ارائه شده است:

- راهکار پیشنهادی در قابلیت اعتماد.
- بهبود فرمول‌بندی روش جبری نیروها.
- استفاده از تکنیک‌های هوش مصنوعی.
- راهکار پیشنهادی در بهینه‌یابی.

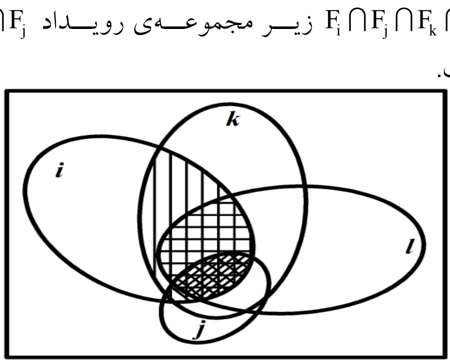
راهکار پیشنهادی در قابلیت اعتماد

همان‌گونه که بیان شد، در این تحقیق احتمال یک مسیر خرابی مانند i→j→k→l طبق رابطه‌ی تقریبی ۳ برابر با کوچک‌ترین احتمال مشترک خرابی اعضای j، k و l با خرابی عضو i است. این مسیر خرابی در شکل (۲) با خط پر نمایش داده شده است.



شکل ۲ طرح شماتیک از مسیرهای خرابی منشعب از i→j

بنابراین اگر کوچک‌ترین احتمال مشترک این اعضا مطابق نمودار ون شکل (۳) مربوط به اعضای i و j باشد، آن‌گاه احتمال مسیر خرابی i→j→k→l یعنی $P(F_i \cap F_j \cap F_k \cap F_l)$ با احتمال مشترک خرابی اعضای i و j یعنی $P(F_i \cap F_j)$ تقریب زده می‌شود. این تقریب محافظه‌کارانه است زیرا طبق شکل (۳) رویداد $F_i \cap F_j \cap F_k \cap F_l$ زیر مجموعه‌ی رویداد $F_i \cap F_j$ است.



شکل ۳ نمایش کوچک‌ترین اشتراک در نمودار ون

این مسأله را می‌توان به‌راحتی به کلیه‌ی شاخه‌های دیگر منشعب از $i \rightarrow j$ تعمیم داد، لذا همه‌ی این مسیرها زیرمجموعه‌ی رویداد $F_i \cap F_j$ هستند. این شاخه‌ها با نقطه‌چین در شکل (۲) نمایش داده شده است.

اکنون اگر طبق رابطه‌ی (۳) رویداد مسیر خرابی $i \rightarrow j \rightarrow k \rightarrow l$ با رویداد $F_i \cap F_j$ تقریب زده شود، آن‌گاه احتمال این رویداد یعنی $P(F_i \cap F_j)$ طبق کران بالای کرنل با مجموع احتمال مسیرهای قبلی جمع زده می‌شود.

در این حالت باید از تولید مسیرهای خرابی دیگر که از $i \rightarrow j$ منشعب می‌شود، جلوگیری کرد. زیرا همان‌گونه که گفته شد، همه‌ی آن‌ها زیرمجموعه‌ی رویداد $F_i \cap F_j$ هستند و اجتماع چند رویداد که همگی زیرمجموعه‌ی یک رویداد هستند نیز زیر مجموعه آن رویداد است. تولید این گونه مسیرها نه تنها چیزی به فضای خرابی کل اضافه نمی‌کند بلکه باعث می‌شود احتمال آن‌ها بر اساس کران بالای کرنل به‌صورت اشتباه با هم جمع شود و مقدار بسیار محافظه‌کارانه‌ای برای کران بالای احتمال خرابی سیستم سازه‌ای تعیین گردد. علاوه بر آن تولید این گونه مسیرها حجم محاسبات را بی‌دلیل افزایش می‌دهد.

با حذف مسیرهای منشعب باقیمانده نه تنها کران فوقانی کوچک‌تری برای احتمال خرابی سیستم سازه‌ای تعیین می‌شود، بلکه سرعت محاسبات نیز افزایش می‌یابد.

با جایگزینی رویداد خرابی یک عضو خرپا با رویداد ایجاد یک مفصل پلاستیک، راهکار پیشنهادی قابل تعمیم به سازه‌های قابی است.

بهبود فرمول‌بندی روش جبری نیروها

در روند تشکیل یک مسیر خرابی زمانی که عضوی از خرپا حذف می‌شود علاوه بر توزیع مجدد نیروها باید ماتریس سختی کل خرپا اصلاح شود. این امر با صفر در نظر گرفتن سختی عضو مورد نظر و تصحیح درایه‌هایی از ماتریس سختی کل که با آن عضو در ارتباط هستند میسر می‌شود. سپس لازم است خرپای جدید تحلیل قابلیت اعتماد شود تا احتمال خرابی اعضا به‌دست آید و از بین آن‌ها عضوی را که بیش‌ترین احتمال خرابی دارد انتخاب شود. این عملیات حذف اعضا و تحلیل سازه‌های جدید باید تا وقوع خرابی یا همان صفر شدن دترمینان ماتریس سختی کل خرپا ادامه یابد.

$$|K|^r = 0 \qquad (۱۶)$$

بالانویس r نشان‌دهنده‌ی کاهش به‌وجود آمده در ماتریس سختی کل است. هر بار تحلیل قابلیت اعتماد خرپا مستلزم حل مکرر دستگاه معادلاتی با تعداد درجات آزادی فعال گرهی است.

در روش متعارف جبری نیروها نیز باید مشابه آن‌چه در روش سختی بیان شد، ماتریس H را تصحیح کرد. پس از آن همه‌ی عملیات از جمله افراز ماتریس H با روش تجزیه LU، تعیین ماتریس‌های B_0 و B_1 و حل رابطه‌ی (۱۳) را دوباره باید انجام داد. عملیات فوق زمان زیادی صرف می‌کند به‌طوری‌که استفاده از روش نرمی منجر به صرف زمان بیش‌تری نسبت به روش سختی می‌شود.

اکنون می‌توان با اعمال تغییراتی در روش تحلیل جبری نیروها زمان لازم برای تحلیل خرپا را چنان کاهش داد که سریع‌تر از روش سختی به جواب برسد.

نکته‌ی اصلی این راهکار در این‌جا است که ماتریس‌های B_0 و B_1 ابداً ارتباطی به سختی یا نرمی اعضا ندارند و در صورت حذف یک عضو کافی است درایه‌ی نظیر آن در ماتریس نرمی F_m اصلاح شود. با اصلاح ماتریس یاد شده کافی است یک‌بار دیگر رابطه‌ی (۱۳) حل شود تا مقادیر نیروهای اعضا تعیین شود. به بیان دیگر ماتریس‌های یادشده فقط یک‌بار برای سازه‌ی دست نخورده‌ی کروموزوم اول نسل اول تشکیل می شوند و تا انتها بدون تغییر باقی می‌مانند.

روش بهبود یافته‌ی نیروها دو برتری نسبت به روش سختی دارد. اول این‌که در این روش حل

دستگاه معادلات خطی از تعداد درجات آزادی فعال گرهی به تعداد درجات نامعینی استاتیکی (که معمولاً کم‌تر است) تقلیل می‌یابد. با توجه به این که معادلات فوق در تحلیل قابلیت اعتماد سازه‌ها با دفعات بسیار زیاد حل می‌شود استفاده از روش پیشنهادی می‌تواند باعث صرفه‌جویی چشمگیر در حجم محاسبات شود. مزیت دوم این است که نیروهای اعضا به‌طور مستقیم و قبل از محاسبه‌ی بردار تغییر مکان‌های گرهی تعیین می‌شود و باعث کاهش بیش‌تر زمان محاسبات خواهد شد.

دو نکته در اینجا وجود دارد. اول این‌که درایه‌های ماتریس نرمی را نرمی اعضای خرپا تشکیل می‌دهد. نرمی عضو i ام خرپا از رابطه‌ی زیر به‌دست می‌آید.

$$F_{m_i} = \frac{L_i}{E_i A_i} \tag{۱۷}$$

بنا بر رابطه‌ی اخیر، صفر کردن سختی هر عضو منجر به بی نهایت شدن نرمی آن می‌شود. در عمل در صورت حذف هر عضو، از یک عدد بسیار بزرگ برای نرمی آن استفاده می‌شود.

نکته‌ی دوم این‌که در تحلیل خرپاهای بزرگ زمان زیادی صرف انجام ضرب‌های ماتریسی موجود در رابطه‌ی (۱۳) می‌شود. در این حالت مشابه تعدیل بیان‌شده در روش سختی، می‌توان کنترل کرد که تغییر نرمی عضو i ام بر چه درایه‌هایی از ماتریس‌های حاصل ضرب رابطه‌ی (۱۳) تأثیر دارد. این امر می‌تواند صرفه‌جویی قابل‌توجهی در زمان محاسبات ایجاد کند.

شایان ذکر است که در روش پیشنهادی، ایجاد نیرو در هر یک از میله‌هایی که حذف شده است به‌منزله‌ی ناپایداری خرپا خواهد بود.

استفاده از تکنیک‌های هوش مصنوعی

در این مقاله از عامل‌های هوشمند در دو فاز متفاوت استفاده می‌شود. فاز اول شامل ذخیره‌سازی مسیرهای خرابی هر کروموزوم و شناسایی این مسیرها است. عامل هوشمند در صورت تکرار این مسیرها، نه تنها در ادامه‌ی تحلیل آن کروموزوم، بلکه در تحلیل همه‌ی کروموزوم‌های نسل‌های بعدی آن‌ها را شناسایی می‌کند. حسن شناسایی این مسیرهای خرابی، همان‌طور که از نام آن‌ها پیدا است، این است که شرط خرابی قطعاً در مورد آن‌ها برقرار است و نیازی به کنترل نیست. بنابراین زمان لازم برای کنترل شرط خرابی در مورد تمامی این مسیرهای تکراری ذخیره می‌شود.

در روند بهینه‌یابی با الگوریتم ژنتیک کروموزوم‌هایی که شایستگی بیش‌تری دارند، به کرات تولید می‌شوند. عامل هوشمند فاز دوم، شایستگی این گونه کروموزوم‌ها را ذخیره می‌سازد و پس از تکرار آن‌ها مقدار شایستگی ذخیره شده را اعلام می‌کند. به این ترتیب از تحلیل اضافی جلوگیری می‌گردد و حجم عمده‌ای از محاسبات کنار گذاشته می‌شود.

در ادامه نحوه‌ی کارکرد این دو عامل به‌طور واضح‌تر بیان می‌شود.

عامل هوشمند فاز اول

در یک خرپای n میله‌ای چنان‌چه مسیر i→j→k یک مسیر خرابی باشد آن‌گاه مسیر i→k→j یا هر ترکیب دیگر این سه عضو نیز باعث خرابی سازه می‌شود. به‌عبارت دیگر عدم حضور سه عضو مذکور به‌طور هم‌زمان (مستقل از ترتیب وقوع آن‌ها) منجر به ناپایداری خرپا خواهد شد. حال اگر در این خرپا دو عضو i و k حذف شده باشد، قطعاً حذف عضو سوم (j) باعث خرابی است و نیازی به تحلیل خرپا و کنترل شرط خرابی نیست. همان‌گونه که بیان شد شرط خرابی خرپا در تحلیل به روش سختی، صفر شدن دترمینان ماتریس سختی کل و در تحلیل با روش نرمی پیشنهادی ایجاد نیرو در میله‌های حذف‌شده است.

در اینجا ذکر دو نکته ضروری است. اول این‌که برای تعیین احتمال خرابی مسیر i→ k→ j ، باید خرپایی تحلیل شود که ابتدا عضو i ام و سپس عضو k

ام آن حذف شده است و نیازی به حذف عضو j ام نیست. ثانیاً در یک سازه با S درجه نامعینی، هر مسیر شامل S+1 عضو قطعاً یک مسیر خرابی است و نیازی به کنترل شرط خرابی یا استفاده از تکنیک‌های هوش مصنوعی نیست.

در این تحقیق برای ذخیره‌سازی مسیر خرابی $i \rightarrow j \rightarrow k$ در خرپای n میله‌ای از رشته‌ای به طول n استفاده می‌شود که تمامی کاراکترهای متناظر با میله‌های یاد شده 0 و مابقی 1 است.

$$\overbrace{1111010111110111}^{n} \quad \text{(i, j, k)} \tag{۱۸}$$

تعداد مسیرهای خرابی که با حذف اعضای i, j k به وجود می‌آید برابر با ٦= !٣ است. ۵ مسیر دیگر که در ادامه‌ی عملیات شاخه‌ای به‌دست می‌آیند نیز با همین شکل تشکیل می‌شود و مورد شناسایی عامل هوشمند قرار می‌گیرد. بنابراین دیگر نیازی به تحلیل و ذخیره‌سازی تکراری این مسیرها نیست و در حجم و زمان محاسبات صرفه‌جویی می‌شود. به‌طور کلی هر رشته‌ی با طول n و دارای n_0 کاراکتر صفر، نشانگر یک خرپای n عضوی ناپایدار است که n_0 عضو خود را از دست داده است. $n_0!$ توالی مختلف باعث ایجاد رشته‌ی فوق می‌شود اما فقط توالی اول، تحلیل و ذخیره می‌شود و $n_0!-1$ توالی دیگر پس از جستجو در بانک خرپاهای ناپایدار شناسایی می‌شود و از تحلیل و ذخیره‌سازی تکراری آن‌ها خود داری می‌گردد.

نحوه‌ی جستجو در بانک تأثیر عمده‌ای در زمان محاسبات دارد. در یک جستجوی ترتیبی باید اعضای بانک از اول به‌ترتیب با عضو جدید مقایسه شود تا در صورت یکسان بودن رشته‌ها جستجو پایان یابد. حداکثر تعداد عملیات لازم در این روش جستجو، برابر با تعداد اعضای بانک است. تعداد عملیات مقایسه با جلو رفتن عملیات شاخه‌ای و زیاد شدن تعداد اعضای بانک افزایش می‌یابد و اتلاف قابل‌توجهی در زمان به‌وجود می‌آید. به‌جای این روش می‌توان از روش سریع جستجوی دودویی استفاده کرد [32] لیکن باید قبلاً اعضای بانک به‌صورت صعودی یا نزولی مرتب شده باشد. با توجه به ذخیره‌سازی رشته‌ها به‌صورت بیان‌شده امکان مقایسه و مرتب‌سازی آن‌ها وجود دارد. مقایسه‌ی رشته‌ها مانند مقایسه‌ی اعداد در مبنای ۲ است. چنان‌چه بانک به‌صورت نزولی مرتب شده باشد برای پیدا کردن یک رشته باید آن را با عضو وسط بانک مقایسه کرد. اکنون اگر رشته‌ی مورد نظر از رشته‌ی وسطی بزرگ‌تر باشد جواب در نیمه‌ی بالایی بانک است و برعکس. با این روش در گام اول فضای جستجو به نصف آن و در گام دوم به یک چهارم تقلیل می‌یابد. این کار تا زمانی که رشته‌ی مورد نظر پیدا شود ادامه می‌یابد. حداکثر تعداد عملیات لازم n_{max} در این روش برای بانک با تعداد اعضای N از رابطه‌ی (۱۹) به‌دست می‌آید.

$$n_{max} = int[\log_2 N] + 1 \tag{۱۹}$$

در رابطه‌ی فوق int تابع جزء صحیح است. n_{max} در مقایسه با N به‌مراتب کوچک‌تر است، لذا استفاده از این روش در یک فضای جستجو بزرگ اجتناب‌ناپذیر است. مرتب‌سازی رشته‌ها در بانک از ابتدا باید به‌گونه‌ای باشد که هر رشته در جای خود ذخیره شود تا نیازی به مرتب‌سازی بانک پس از ورود هر رشته جدید وجود نداشته باشد. در این تحقیق برای پیدا کردن موقعیت صحیح یک رشته‌ی جدید، از روش مرتب‌سازی فوری استفاده شده است [32].

همواره در حین انجام عملیات، زمان قابل‌توجهی صرف کنترل شرط خرابی می‌شود. با استفاده از تکنیک‌های هوش مصنوعی می‌توان مسیرهای تکراری را شناسایی و از انجام عملیات تکراری خودداری نمود. این کار باعث می‌شود که مدت زمان مورد نیاز برای یافتن احتمال خرابی سازه کاهش چشم‌گیری یابد.

عامل هوشمند فاز دوم

در بهینه‌یابی با الگوریتم ژنتیک جمعیت اولیه به‌صورت کاملاً تصادفی تولید می‌شود. برای تولید نسل‌های

بعدی رقابت بین کروموزوم‌ها صورت می‌پذیرد و کروموزوم‌های شایسته تر شانس بیش‌تری برای ادغام پیدا می‌کنند. به‌این‌ترتیب، در ادامه و پس از تولید نسل‌های بعدی کروموزوم‌های به‌تری ایجاد می‌شود. با دقت در این کروموزوم‌ها مشاهده می‌شود که شباهت بسیاری بین آن‌ها وجود دارد و حتی بسیاری از آن‌ها تکراری هستند. این کروموزوم‌ها یقیناً فرزندان همان‌هایی هستند که شایستگی بالاتری داشته‌اند. نکته‌ی جالب این است که این کروموزوم‌های تکراری در نسل‌های بعدی نیز دوباره تولید می‌شوند.

این مسأله در نسل‌های پایانی بارزتر است، به‌طوری‌که تعداد کپی‌های یک کروموزوم حتی از نصف تعداد جمعیت آن نسل بیش‌تر می‌شود. انجام عملیات تکراری برای یک کروموزوم خاص در یک نسل و نیز در نسل‌های بعدی هیچ فایده‌ای ندارد و فقط زمان برنامه را به هدر می‌دهد.

در این تحقیق از عامل هوشمند برای شناسایی این کروموزوم‌ها استفاده شده است. عامل هوشمند فاز دوم در هر نسل کروموزوم‌هایی را که شایستگی آن‌ها از متوسط شایستگی نسل قبل بیش‌تر است، ذخیره می‌کند. در صورت تکرار این کروموزوم‌ها، عامل هوشمند آن‌ها را به‌سادگی تشخیص می‌دهد و به‌جای تحلیل‌های اضافی و وقت‌گیر، مقدار شایستگی نظیر آن‌ها را مستقیماً اعلام می‌کند.

منطق استفاده‌شده در این عامل هوشمند در عین سادگی، کاربرد بسیاری دارد. تنها نکته این است که برای ذخیره‌سازی رشته‌ها باید از الگوریتم‌های مناسب مانند آنچه در فاز اول معرفی شد، استفاده شود تا کارایی این عامل بالاتر برود.

عامل هوشمند فاز دوم صرفاً برای مسائل بهینه‌یابی تحت قید قابلیت اعتماد کاربرد ندارد. از این عامل می‌توان برای تمامی مسائل بهینه‌یابی که زمان تحلیل کروموزوم‌های آن‌ها، نسبت به زمان پردازش عملگرهای الگوریتم ژنتیک به‌طور قابل توجه بیش‌تر است، استفاده کرد.

همان‌گونه که بیان شد در اغلب موارد مهندسی تحلیل و تعیین شایستگی کروموزوم‌ها حدود ۸۵ تا ۹۵ درصد زمان برنامه را به خود اختصاص می‌دهد. این عدد در مورد مسأله‌ی مورد بحث در این تحقیق حتی از ۹۹ درصد بیش‌تر است؛ یعنی زمان لازم برای عملگرهای الگوریتم ژنتیک از یک درصد کم‌تر است. حال اگر از این یک درصد زمان صرف نظر شود، نتیجه‌ی جالبی حاصل می‌گردد. در یک الگوریتم ژنتیک با تعداد جمعیت P و G نسل هر یک بار که عامل هوشمند کروموزومی تکراری پیدا می‌کند از محاسبات مجدد در مورد آن جلوگیری می‌کند، لذا به مقدار $1/(PG)$ در زمان محاسبات صرفه‌جویی می‌شود.

در ادامه، مطابق مطالبی که در راهکار چهارم ارائه خواهد شد، مشخص می‌شود که مقدار صرفه‌جویی به‌وجود آمده بیش‌تر از این مقدار است. بر اساس نتایج بخش یادشده، زمان تحلیل کروموزوم‌های با شایستگی بالا نسبت به سایرین به مراتب بالاتر است. به‌عبارت دیگر تحلیل کروموزوم‌هایی که شایستگی کم‌تری دارند خیلی سریع‌تر انجام می‌شود.

مجدداً یادآوری می‌شود که عامل هوشمند تنها شایسته‌ترین کروموزوم‌ها را ذخیره و شناسایی می‌کند؛ یعنی همان کروموزوم‌هایی که زمان تحلیل بالاتری دارند. بنابراین، صرفه‌جویی به‌وجود آمده در اثر شناسایی یک کروموزوم و عدم انجام محاسبات تکراری به‌مراتب بیش‌تر از مقدار $1/(PG)$ است.

مطالب عنوان‌شده با ذکر مثال عددی شرح داده می‌شود. در یک مسأله‌ی بهینه‌یابی با جمعیت ۱۰۰ کروموزوم و ۱۰۰۰ نسل، چنان‌چه ۵۰۰۰ کروموزوم توسط عامل هوشمند شناخته و عملیات آن‌ها کنار گذاشته شود، تصور می‌شود که زمان محاسبات ۵۰ درصد کاهش یافته است، لیکن به دلیل آن‌که تحلیل این ۵۰۰۰ کروموزوم تکراری و شایسته بیش‌تر از سایرین طول می‌کشد زمان صرفه‌جویی شده بیش‌تر خواهد بود.

راهکار پیشنهادی در بهینه‌یابی

در برخی از مسائل بهینه‌یابی در زمینه‌ی مهندسی در حین محاسبه شایستگی هر کروموزوم می‌شود و قبل از اتمام تحلیل می‌توان در مورد شایسته بودن آن کروموزوم قضاوت کرد. بسیاری از کروموزوم‌ها از اوایل تحلیل نشانه‌هایی از نقض قید از خود نشان می‌دهند. اگر مقادیر این نقض قیدها زیاد باشد، لزومی به اتمام تحلیل و محاسبه‌ی تابع پنالتی و غیره نیست. به‌عبارت دیگر در همین مرحله مشخص است که این کروموزوم شایستگی انتخاب برای ادغام را ندارد.

از سوی دیگر برخی کروموزوم‌ها معرف طرح‌های دست بالا هستند به‌نحوی که تابع هدف را بهینه نمی‌کنند. این گونه کروموزوم‌ها معمولاً شایستگی پایینی دارند و شناسایی آن‌ها پیش از اتمام تحلیل در برخی مسائل مهندسی امکان‌پذیر است. اتمام تحلیل این گونه کروموزوم‌ها عملاً فایده‌ای ندارد و فقط زمان محاسبات را بالا می‌برد.

هدف اصلی راهکار چهارم اعمال چنین قضاوت‌هایی است که نتیجه‌ی آن جلوگیری از محاسبات اضافی و صرفه‌جویی در زمان خواهد بود. خوشبختانه روابط تعیین احتمال خرابی یک سیستم سازه‌ای به‌نحوی است که می‌توان در میانه (یا حتی در اوایل) تحلیل در مورد وضعیت سازه اظهار نظر نمود.

در بخش ۲-۱ روش شاخه و کرانه مورد بحث قرار گرفت. مطابق مطالب بیان‌شده در آن بخش شرط لازم برای تولید مسیرها (عملیات شاخه‌ای) این است که احتمال وقوع مسیر مورد نظر از $MaxP_f.10^{-\eta}$ کوچک‌تر نباشد. $MaxP_f$ حداکثر احتمال مسیرهای خرابی گذشته است.

در هر مرحله از عملیات شاخه و کرانه با یافتن مسیری محتمل‌تر، مقدار احتمال آن در $MaxP_f$ قرار داده می‌شود. به‌این‌ترتیب، مقدار $MaxP_f.10^{-\eta}$ نیز افزایش می‌یابد. در این‌جا باید دقت شود که برخی از مسیرهایی که در ابتدای عملیات شاخه و کرانه مجاز شناخته شده و تولید شده‌اند، از مقدار جدید $MaxP_f.10^{-\eta}$ کوچک‌تراند و طبق عملیات کرانه‌ای نبایستی تولید می‌شدند.

از این مطالب چنین استنباط می‌شود که اگر مقدار $MaxP_f$ که در پایان عملیات به‌دست می‌آید (P_{fs}^L)، از ابتدا معلوم بود، تعداد مسیرهای حذف‌شده بیشتر می‌شد. یعنی بسیاری از مسیرها بدون این‌که تأثیر محسوسی در مقدار احتمال خرابی داشته باشند تولید شده‌اند و در نتیجه زمان زیادی به هدر رفته است.

در بهینه‌یابی سازه‌ها با استفاده از الگوریتم ژنتیک جمعیت اولیه به‌صورت کاملاً تصادفی تولید می‌شود. برخی از این کروموزوم‌ها به‌شدت قید قابلیت اعتماد را نقض می‌کنند، در حالی که برخی دیگر احتمال خرابی بسیار کوچکی دارند.

راهکار چهارم پیشنهادی با یک مثال شرح داده می‌شود. یک خرپای n میله‌ای نامعین مفروض است. هدف یافتن سطح مقطع میله‌های خرپا است به‌طوری‌که کم‌ترین وزن برای خرپا حاصل شود و مقدار احتمال خرابی کل آن از $۱۰^{-۵}$ (احتمال خرابی مجاز) کوچک‌تر باشد. مقدار η برابر با ۳ در نظر گرفته می‌شود.

طبق مطالب بیان شده در هر یک از کروموزوم‌ها در طول روند بهینه یابی، تمام مسیرهایی که احتمال آن‌ها از $۱۰^{-۸}$ کوچک‌تر است باید کنار گذاشته شود. اکنون چنان‌چه در یکی از کروموزوم‌ها (خرپاها) احتمال خرابی محتمل‌ترین عضو کوچک‌تر از $۱۰^{-۸}$ باشد (مثلاً $۱۰^{-۱۳}$)، احتمال وقوع تمامی مسیرهای خرابی قطعاً از عدد مذکور کوچک‌تر است. طبق عملیات کرانه‌ای کلیه‌ی این مسیرها در خرپای مورد نظر پیش از تولید باید کنار گذاشته شوند. عدم تولید این مسیرها زمان محاسبات را به‌طور قابل‌توجهی کاهش می‌دهد.

به‌طور خلاصه معیار حذف مسیرها در راهکار چهارم برآورده کردن رابطه‌ی (۲۰) است.

$$P_{f_i} \le \max(P_{f,all}, MaxP_f).10^{-\eta} \qquad (۲۰)$$

در رابطه‌ی فوق $P_{f,all}$ احتمال خرابی مجاز (قید مسأله‌ی طراحی) است. $MaxP_f$ و μ در عملیات شاخه و کرانه شرح داده شد. این معیار برای کروموزوم‌هایی که سطح مقطع میله های آن‌ها دست بالا است کاربرد دارد. بدیهی است که میزان جریمه‌ی این گونه کروموزوم‌ها صفر است لیکن شایستگی مناسبی ندارند.

هنوز امکان صرفه‌جویی بیش‌تر در حجم و زمان محاسبات وجود دارد. در مثال یادشده تمامی کروموزوم‌هایی (خرپاهایی) که احتمال خرابی آن بزرگ‌تر از $۱۰^{-۵}$ است نقض قید کرده و باید جریمه شوند. لیکن بین دو کروموزوم که احتمال خرابی آن‌ها $۱/۰۱×۱۰^{-۵}$ و ۰/۹۹ است تفاوت زیادی وجود دارد. هم‌چنین میزان نقض قید و جریمه‌ی این دو کروموزوم کاملاً متفاوت است. در هنگام تحلیل کروموزوم اول تا لحظه‌ی پایان نمی‌توان پیش‌بینی نمود که آیا نقض قید می‌کند یا نه. اما در مورد کروموزوم دوم وضعیت متفاوت است. اگر مجموع احتمال مسیرهای خرابی (کران فوقانی کرنل) در اوایل تحلیل به عددی مانند $۱۰^{-۲}$ برسد، نیازی به ادامه‌ی تحلیل نیست و در همین مرحله مشخص است که نقض قید صورت پذیرفته و چنین کروموزومی باید جریمه شود.

این امر سبب می‌شود که در بسیاری از موارد، عملیات زودتر از موعد مقرر پایان یابد و بخش عظیمی از مسیرهای خرابی و محاسبات نظیر آن‌ها کنار گذاشته شود. تنها نکته‌ی باقیمانده‌ی تعریف معیاری دقیق برای اتمام عملیات است. از رابطه‌ی (۲۱) می‌توان برای کنترل شرط پایان استفاده نمود.

$$\sum_{i=1}^{p} P_{f_i} \geq P_{f,all}.10^{\mu} \qquad (۲۱)$$

عبارت سمت چپ نامعادله نشان دهنده‌ی مجموع احتمالات مسیرهای خرابی حاکم از ابتدای تحلیل تا مسیر جاری P است. $P_{f,all}$ احتمال خرابی مجاز (قید مسأله‌ی طراحی) و μ یک ثابت عددی است که انتخاب آن به‌عهده‌ی طراح است. کروموزومی که در حین تحلیل معیار رابطه‌ی (۲۱) را ارضا می‌کند باید به‌شدت جریمه شود به‌طوری‌که شانس انتخاب و ادغام پیدا نکند. انتخاب عددی مانند ۲ یا ۳ برای μ، انتخاب مناسبی است. زیرا کروموزومی که با این مقدار μ رابطه (۲۱) را ارضا کند، یقیناً کروموزوم شایسته‌ای نیست. معیار رابطه‌ی فوق‌الذکر مختص کروموزوم‌هایی است که سطح مقطع میله‌های آن‌ها بسیار ضعیف است.

به‌طور خلاصه با استفاده از راهکار چهارم، هر چه احتمال خرابی یک کروموزوم از مقدار احتمال خرابی مجاز (قید مسأله) دورتر باشد به تحلیل کم‌تری نیاز دارد. بنابراین راهکار اول در نسل‌های اول الگوریتم ژنتیک اثر بیش‌تری دارد.

روند حل مسأله و ارتباط بین راهکارهای پیشنهادی

در این قسمت روند کلی حل مسأله بهینه‌یابی و ارتباط بین راهکارهای پیشنهادی به‌طور خلاصه به‌شرح زیر ارائه می‌شود.

در بهینه‌یابی به‌وسیله‌ی الگوریتم ژنتیک تولید یک نسل جدید منوط به تعیین شایستگی کروموزوم‌ها (در این تحقیق خرپاها) و سپس انتخاب شایسته‌ترین‌ها است. در مسأله‌ی حاضر شایستگی خرپاها بستگی به مقدار احتمال خرابی سیستم سازه‌ای دارد. همان‌گونه که بیان شد تعیین احتمال مذکور به‌طور دقیق تقریباً مستلزم صرف زمان بسیار زیاد و تقریباً غیر عملی است. بنابراین در تحقیقات گذشته از فرضیات بسیار ساده‌کننده و محافظه‌کارانه برای تعیین احتمال خرابی استفاده شده است. در این تحقیق با استفاده از راهکار اول تعداد کثیری از مسیرهای همبسته حذف می‌شوند و احتمال خرابی سیستم به‌طور سریع‌تر از روی احتمال وقوع مسیرهای خرابی حاکم تعیین می‌گردد. برای تشکیل مسیرهای خرابی باید خرپاها را به‌کرات تحلیل سازه نمود.

راهکار دوم این تحقیق امر تحلیل سازه‌ی خرپا را تسریع می‌کند. استفاده از این راهکار تأثیری بر مقدار

احتمال خرابی ندارد و تنها زمان محاسبات را بـه‌طـور قابل‌توجهی کاهش می‌دهد.

راهکار سوم نیز تأثیری در جـواب‌هـای بـه‌دسـت آمـده نـدارد و تنهـا از تشـکیل مسـیرهای خرابـی و کروموزوم‌های تکراری و محاسبات اضافی نظیـر آن‌هـا جلوگیری می‌کند.

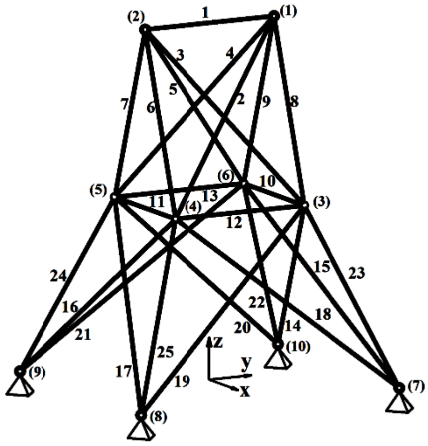
بـا اسـتفاده از راهکـار چهـارم تعـداد زیـادی از کروموزوم‌هایی که شایستگی مناسبی ندارنـد، در حـین تحلیل یا همان اوایل تحلیل شناسـایی مـی شـوند و از محاسبات بیهوده جلوگیری می‌گردد.

مثال‌های عددی

در همه‌ی مثال‌های ارائه‌شده بـه‌جـای احتمـال خرابـی سازه از کران فوقانی کرنل استفاده شده است.

پیش از ارائه‌ی مثال جامع بهینـه یـابی، ابتـدا یـک مثال بـرای ارزیـابی راهکارهـای اول تـا سـوم مطـرح می‌شود. در این مثال با استفاده از راهکارهای یـادشـده احتمال خرابی یک خرپای ۲۵ میله‌ای تعیین می‌شـود و سهم هر یک از راهکارها مشخص می‌گردد. پـس از آن در مثال دوم تأثیر راهکار چهارم در خرپای ۲۵ میلـه‌ای مثال اول بررسی می‌شـود. سـپس بـا توجـه بـه نتـایج حاصل و بااستفاده از راهکارهای پیشنهادی مثال بهینـه یابی خرپای یادشده تحت قید قابلیـت اعتمـاد بررسـی می‌شود. در مثال بهینـه‌یـابی متغیرهـای طراحـی سـطح مقطع میله های خرپا و قیـد مسـأله کوچـک‌تـر بـودن احتمال خرابی سـازه از مقـدار احتمـال خرابـی مجـاز است. در همه‌ی مثال‌هـا (مطـابق مطالـب یـادشـده در بخش دوم) متغیرهای تصادفی عبارتند از بارهـای وارد بر سازه و مقاومت میله هـای خرپـا. کلیـه متغیـرهـای تصادفی نرمال و غیرهمبسته فرض می‌شوند.

مثال ۱. خرپای ۲۵ میله‌ای مطابق شکل (٤) مفـروض است. سطح مقطع اعضا، مختصات گـره‌هـا و میـانگین بارهای وارد بـه‌ترتیـب در جـداول (۵-۳) ارائـه شـده است. ضریب پراکنـدگی بارهـا ۰/۱ اسـت. میـانگین و ضریب پراکندگی تنش تسلیم اعضا به ترتیب برابـر بـا ۲۷٦۰ کیلوگرم بر سانتی‌متر مربع و ۰/۰۳ اسـت. تـنش تسلیم اعضا و بارهای وارد متغیرهـای تصـادفی نرمـال غیرهمبسته و رفتار مصالح در کشـش و فشـار یکسـان فرض می‌شود.



شکل ٤ خرپای ۲۵ میله‌ای مثال ۳

جدول ۳ سطح مقطع اعضای خرپای مثال ۳

شماره‌ی عضو	سطح مقطع (سانتی‌متر مربع)
۱	۲/۸٦
۲،۵	۲/۸۳
۳،٤	٦/۰۲
٦،۹	۲/۳۵
۷،۸	۵/۷٦
۱۰،۱۱	۱/۲۱
۱۲،۱۳	۱/۱۰
۱٤،۱۷	۳/٤۳
۱۵،۱٦	۱/٤۵
۱۸،۲۱	۰/۸٤
۱۹،۲۰	۱/۲۸
۲۲،۲۵	۲/٤۲
۲۳،۲٤	٤/۸٤

مقدار همبستگی شاخص فشردگی با مشخصه‌های مرتبط با ساختمان اولیه‌ی نمونه‌ها به‌مراتب بـیش‌تـر از مقدار همبستگی آن با مشخصات مرتبط با جنس ذرات نظیر خواص خمیری خـاک اسـت. بـه عبـارت دیگـر

روابط مبتنی بر شرایط ساختمان اولیه نظیر نسبت پوکی، دانسیته‌ی خشک و رطوبت که همگی به‌نوعی بیانگر فاصله‌ی ذرات خاک از یکدیگر و نهایتاً پتانسیل نشست هستند، در تخمین مقدار شاخص فشردگی کارایی بیش‌تری دارند. هم‌چنین روابطی که تنها مبتنی بر جنس و خواص ذرات ریزدانه (نظیر حدود اتربرگ) و بدون توجه به تخلخل اولیه‌ی آن‌ها می‌باشند، از نظر آماری معنی‌دار نیستند و قادر به تخمین درست شاخص فشردگی نمی‌باشند.

جدول ٤ مختصات گره‌ها در مثال ۱ (سانتی‌متر)

شماره‌ی گره	x	y	z
۱	۰	۹۵/۲۵	۵۰۸
۲	۰	−۹۵/۲۵	۵۰۸
۳	۹۵/۲۵	۹۵/۲۵	۲۵٤
٤	۹۵/۲۵	−۹۵/۲۵	۲۵٤
۵	−۹۵/۲۵	−۹۵/۲۵	۲۵٤
٦	−۹۵/۲۵	۹۵/۲۵	۲۵٤
۷	۲۵٤	۲۵٤	۰
۸	۲۵٤	−۲۵٤	۰
۹	−۲۵٤	−۲۵٤	۰
۱۰	−۲۵٤	۲۵٤	۰

جدول ۵ داده های آماری بارهای وارده مثال ۱ (کیلوگرم)

شماره‌ی گره	جهت x	جهت y	جهت z
۱	۸۸۹۰	۸۸۹۰	−۲۲٦۰
۲	−۸۸۹۰	−۸۸۹۰	−۲۲٦۰
۳	۸۸۹۰	۸۸۹۰	۰
۵	−۸۸۹۰	−۸۸۹۰	۰

تحلیل این سازه بدون استفاده از راهکار ۱ حدود ۳ ساعت طول می‌کشد و با جمع چندین میلیون مسیر خرابی که اکثر آن‌ها همبسته است، عددی بسیار محافظه‌کارانه برای کران بالای احتمال خرابی سیستم سازه‌ای تعیین می‌شود. در صورت استفاده از راهکار ۱ (با کاهش حدود ۱۰۰ درصد در زمان محاسبات از ۳ ساعت به ۲۱/۱ ثانیه) و راهکارهای ۲ و ۳، نتایج تحلیل قابلیت اعتماد بر اساس $\eta = 2$ در جدول (٦) ارائه شده است.

جدول ٦ تأثیر راهکارهای پیشنهادی در مثال ۱

	راهکار ۱	راهکار ۱ و ۲	راهکار ۱ و ۳	با هر سه راهکار
زمان محاسبات (ثانیه)	۲۱/۱	۱۲/۷٦	۲۰/۰۱	۱۱/۵٤
تعداد مسیرهای خرابی محتمل	۵۲۰	۵۲۰	۵۲۰	۵۲۰
تعداد تحلیل قابلیت اعتماد	۱٤۹٤	۱٤۹٤	۱۱۸٤	۱۱۸٤

با ملاحظه‌ی نتایج به‌دست آمده از جدول (٦) مشاهده می‌شود که استفاده از راهکارهای ۱، ۲ ، ۳ و ترکیب آن‌ها باعث کاهش چشم‌گیر زمان محاسبات شده است. بیش‌ترین تأثیر در صورت استفاده از راهکار ۱ به‌دست می‌آید. در صورت استفاده از راهکار ۲ یعنی بهبود روش جبری نیروها، بدون این‌که تغییری در تعداد تحلیل‌ها ایجاد شود زمان محاسبات کاهش یافته است. صرفه‌جویی به‌وجودآمده در اثر استفاده از راهکار ۳ به‌دلیل شناسایی مسیرهای تکراری توسط عامل هوشمند و جلوگیری از محاسبات اضافی است. مراجع [2, 5] احتمال خرابی سیستم سازه‌ای این خرپا را مجموع احتمال خرابی اعضا در نظر گرفته و برابر با $۱/۰۰\times۱۰^{-۵}$ تعیین کرده‌اند. کران فوقانی احتمال خرابی در این تحقیق برابر با $۱/۸۰\times۱۰^{-٦}$ تعیین شد که نسبت به تخمین محافظه‌کارانه‌ی مراجع یادشده بهبود یافته است.

مثال ۲. هدف از ارائه‌ی این مثال بررسی تأثیر راهکار چهارم یعنی استفاده از قید احتمال خرابی مجاز در زمان محاسبات است. بدین منظور خرپای ۲۵ میله‌ای مثال (۱) با سه دسته سطح مقطع متفاوت مورد تحلیل

قرار می‌گیرد. سطح مقطع خرپای (الف) در جدول (۳) قید شده است. خرپای (ب) دارای میله‌های قوی با سطح مقطع ۱۰ سانتی‌متر مربع و خرپای (ج) دارای میله‌های ضعیف با سطح مقطع ۳ سانتی‌متر مربع است. برای صرفه‌جویی در زمان از همه‌ی راهکارهای ۱ ، ۲ و ۳ (فاز اول) در تعیین احتمال خرابی استفاده می‌شود. مقدار η و μ به‌ترتیب برابر با ۲ و ۳ در نظر گرفته می‌شود.

جدول ۷ بررسی تأثیر راهکار ٤

		بدون راهکار ٤	با راهکار ٤
خرپای الف	زمان محاسبات	۱۱/٥٤	۱۰/۸٦
	تعداد مسیرها	٥۲۰	٤۹٥
خرپای ب	زمان محاسبات	۰/٤۱	$۱/٦۲\times ۱۰^{-۲}$
	تعداد مسیرها	۱۰	۰
خرپای ج	زمان محاسبات	$۷/۸٦\times ۱۰^{-۲}$	$٤/۷۷\times ۱۰^{-۲}$
	تعداد مسیرها	٤	۱

با مشاهده‌ی جدول (۷) اولین نتیجه‌ای که حاصل می‌شود این است که استفاده از راهکار چهارم زمان محاسبات را کاهش می‌دهد. نتیجه‌ی دوم این است که زمان تحلیل دو خرپا با سطح مقطع متفاوت با یکدیگر فرق دارد زیرا مسیرهای خرابی و تعداد مسیرها در دو خرپا با یکدیگر متفاوت است. با اندکی تغییر در سطح مقطع میله‌ها تعداد مسیرها و زمان محاسبات به‌طور چشم‌گیر تغییر می‌کند. این امر در بهینه‌یابی خرپاها تحت قید احتمال خرابی تأثیر قابل‌توجهی دارد.

نتیجه‌ی سوم این که تأثیر راهکار چهارم روی دو خرپا با سطح مقطع متفاوت با یکدیگر فرق دارد. دلیل این امر در بخش ٤-٤ بیان شد. در مورد خرپای (ب) که دست بالا طراحی شده است، پس از اولین تحلیل مشخص می‌شود که احتمال خرابی محتمل‌ترین عضو $۱/۳۹\times ۱۰^{-٥٥}$ است. تمامی مسیرهای خرابی که در ادامه‌ی عملیات شاخه‌ای حاصل می‌شوند احتمال کوچک‌تری دارند لذا توسط راهکار چهارم از تولید آن‌ها جلوگیری می‌شود.

در مورد خرپای (ج) پس از تشکیل اولین مسیر خرابی، احتمال آن برابر با ۰/۳۷ تعیین می‌شود. با توجه به مفاهیم راهکار چهارم دیگر نیازی به ادامه‌ی تحلیل نیست، زیرا در همین مرحله ناشایسته بودن این خرپا معلوم می‌شود.

در مورد خرپای (الف) با استفاده از مفاهیم راهکار چهارم مسیرهای خرابی بیش‌تری کنار گذاشته شده است.

مثال ۳. در این مثال با استفاده از راهکارهای پیشنهادی به بهینه‌یابی خرپای ۲٥ میله‌ای مثال ۱ تحت قید قابلیت اعتماد سیستم سازه‌ای پرداخته می‌شود. احتمال خرابی مجاز (قید مسأله) برابر با ۱×۱۰^{-٥} است. نتایج به‌دست آمده در جدول (۸) با مراجع [2, 5] مقایسه شده است. در مراجع یادشده احتمال خرابی سیستم سازه‌ای در جهت اطمینان برابر با مجموع احتمال خرابی اعضا فرض شده است.

جدول ۸ نتایج بهینه‌یابی مثال ۳ و مقایسه با مراجع دیگر

شماره‌ی عضو	سطح مقطع (سانتی‌متر مربع) $CV_L = CV_R$, 0.05 =0.20			
	مرجع [۲]	مرجع [٥] a	مرجع [٥] b	این تحقیق
۱	٤/۳٦	٦/۹۰	٤/۳۸۷	٤/٥٦
۲،٥	٤/٥٦	٥/۱٥	٤/٥۸۸	٦/۰۰
۳،٤	۷/٤۷	٦/۹۰	۷/٤٥۰	٦/۰۰
٦،۹	۲/۳۹	٥/٦۸	٤/۳۷٦	٦/۹۰
۷،۸	۷/٥۲	۹/٥٤	۷/٤۹٦	٦/۹۰
۱۰،۱۱	۱/٥۱	٦/۹۰	۲/۲۰٤	۳/٤۸
۱۲،۱۳	۱/۷۷	۳/۱۸	۱/۷۷۸	۲/٥۸
۱٤،۱۷	٤/۸۸	۳/۱۸	٤/٦۰۰	۳/۳۰
۱٥،۱٦	۱/۸۹	٤/۳۱	۲/۱۷۹	۳/۳۰
۱۸،۲۱	۱/۷۸	۲/۷۹	۱/۸۱۰	۱/۸٦
۱۹،۲۰	۲/٦۳	۲/۰٦	۲/٥۹٥	۱/۸٦
۲۲،۲٥	٤/۸۹	٦/۹۰	٤/۹۳۳	٤/۳۸
۲۳،۲٤	۷/٦٦	۹/٥٤	۷/٤۸۳	٤/۳۸
وزن (kg)	۹۷/۸	۱۱۸/۷	۹٥/۸۱	۹۱/۹٥

با توجه به نتایج جدول (۸) مشاهده می‌شود که در این تحقیق طرح بهینه‌ی مطلوب‌تری نسبت به مراجع [2, 5] به‌دست آمده است. دلیل این امر تخمین به‌تر نسبت به این مراجع برای احتمال خرابی سیستم سازه‌ای و استفاده از الگوریتم ژنتیک جزیره‌ای است.

شایان ذکر است که متغیرهای طراحی در این تحقیق از نوع گسسته و در مراجع [2, 5] از نوع گسسته و پیوسته است. جواب‌های به‌دست آمده در هر صورت از هر دو حالت مراجع یادشده به‌تر است.

اکنون برای ارزیابی راهکارهای پیشنهادی و سهم آن‌ها در تسریع عملیات بهینه‌یابی، زمان محاسبات ۵۰۰ نسل الگوریتم ژنتیک با استفاده از هر یک در جدول (۹) ارائه می‌شود.

ذکر دو نکته در مورد اعداد این جدول ضروری است. نکته‌ی اول این‌که زمان‌های درج‌شده در این جدول مربوط به کندترین پردازشگر (جزیره) است. علی‌رغم استفاده از پردازشگرهای یکسان (مطابق جدول ۱)، با توجه به تفاوت کروموزوم‌های این جزایر، زمان بهینه‌یابی در این جزایر متفاوت است.

نکته دوم این‌که در دو بار بهینه‌یابی تحت قید قابلیت اعتماد سیستم سازه‌ای با شرایط کاملاً یکسان، ممکن است زمان محاسبات متفاوت باشد. دلیل این امر مجدداً تفاوت کروموزوم‌ها است. بنابراین زمان‌های قیدشده در جدول (۹) قطعی نمی‌باشد، بلکه تنها معیاری برای مقایسه است.

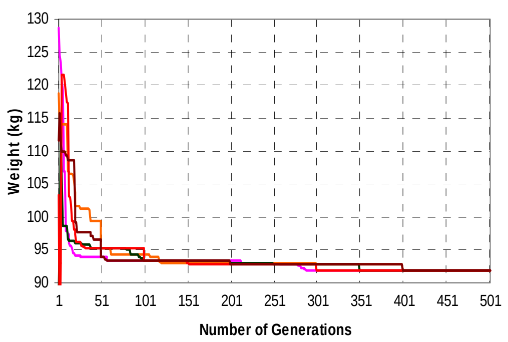
جدول ۹ تأثیر راهکارهای پیشنهادی در مثال ۳

راهکار	زمان محاسبات (ثانیه)
۱، ٤	٥٩٦٥٥
۱، ۲، ٤	٣٣٧٠٨
۱، ۳الف، ٤	٤٨٨٨٢
۱، ۲، ۳الف، ٤	٢٥٠٠٧
۱، ۲، ۳الف، ۳ب، ٤	٧٨٧٨

با توجه به نتایج جدول فوق استفاده از راهکارهای پیشنهادی باعث کاهش زمان محاسبات شده است، هرچند که سهم آن‌ها متفاوت است.

در هر جزیره تعداد کل کروموزوم‌ها در هر نسل برابر با ۲۰ در نظر گرفته شده‌است لذا تعداد تحلیل‌ها به‌ازای ۵۰۰ نسل برابر با ۱۰۰۰۰ می‌شود. این در حالی‌است که تعداد کروموزوم‌هایی که شایستگی آن‌ها توسط عامل هوشمند فاز دوم مورد ارزیابی قرار می‌گیرد، به‌طور متوسط برابر با ۵۰۰۰ است. یعنی شایستگی بیش نیمی از کروموزوم‌ها توسط عامل هوشمند فاز سوم تعیین می‌شود و زمان محاسبات به نصف تقلیل می‌یابد. از طرفی میزان کاهش زمان معمولاً بیش‌تر از این مقدار است، چرا که کروموزوم‌هایی توسط عامل هوشمند شناسایی می‌شوند، کروموزوم‌های شایسته هستند. با توجه به مطالب بیان‌شده در بخش ٤-٤ و نتیجه‌ی مثال (۲)، این کروموزوم‌ها زمان بسیار زیادتری نسبت به سایرین صرف می‌کنند. لذا عدم تحلیل این گونه کروموزوم‌ها زمان محاسبات را به حدود یک‌سوم کاهش می‌دهد.

در شکل (۵) نحوه‌ی همکاری جزایر در یافتن جواب بهینه مربوط به جدول (۸) نمایش داده شده است. همان‌گونه که در شکل مشاهده می‌شود در مراحلی که انتقال بین جزایر صورت می‌پذیرد، جهش‌هایی در نمودارها به‌وجود آمده است. جواب بهینه در نسل ۲۸۸ در یکی از جزایر به‌دست آمده و در نسل‌های ۳۰۰، ۳۵۰ و ٤۰۰ به جزایر دیگر انتقال داده شده است.



شکل ۵ نحوه‌ی کارکرد جزایر موازی با یکدیگر

برای بررسی و مقایسه‌ی بیش‌تر، نتایج بهینه‌یابی خرپای ۲۵ میله‌ای به‌ازای ضرایب پراکندگی مختلف بار و مقاومت در جدول (۱۰) ارائه شده است.

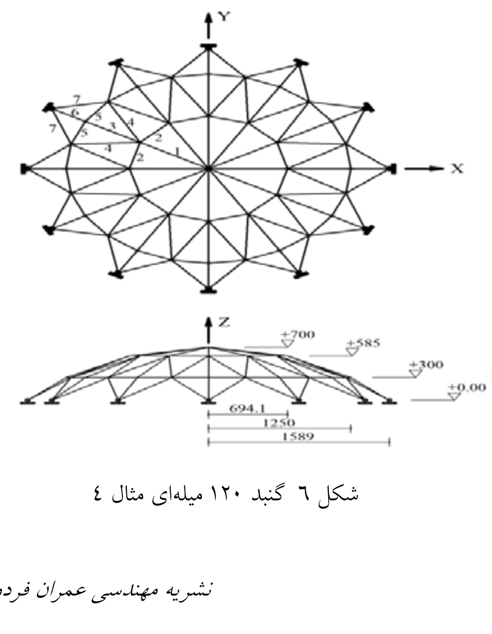
جدول ۱۰ اثر ضرایب پراکندگی در خرپای مثال ۳

شماره‌ی عضو	CV_R : 0.03 CV_L :0.40		CV_R : 0.10 CV_L :0.40	
	مرجع [۵]	این تحقیق	مرجع [۵]	این تحقیق
۱	٦/٤١٨	٧/٥	٧/٩٨٣	٨/٢
۲،۵	٧/٤٧٩	٧/٥	٨/٨٣٤	٨/٨
۳،۴	٩/٨٣٩	٧/٥	١/٢٠١	٨/٨
٦،٩	٧/٧٣٤	١٠/٥	٩/١٧٤	١٠/٩
٧،٨	١/٠٣٥	١٠/٥	١٢/٦٥٤	١٠/٩
١٠،١١	٣/٧٩٧	٤/٥	٤/٣٧٩	٤/٠
١٢،١٣	٢/٦٧٩	٣/٩	٢/٣٩٩	٤/٠
١٤،١٧	٦/٦٢٥	٥/٧	٧/٨٧٢	٤/٦
١٥،١٦	٣/٣٤٨	٥/٧	٤/٤٢٩	٤/٦
١٨،٢١	٣/٥٠١	٣/٦	٥/١٣٦	٣/٧
١٩،٢٠	٥/١٩٨	٣/٦	٥/٤٣٥	٣/٧
٢٢،٢٥	٩/٤٤٠	٧/٥	١٠/٦٣٨	١١/٢
٢٣،٢٤	١٢/٠١٩	٧/٥	١٣/٩٧٧	١١/٢
وزن (kg)	١٥٣/١٣	١٤٣/٧٨	١٨٣/٨٩	١٥٨/١٣

با توجه به جدول (۱۰) ملاحظه می‌شود که وزن خرپای بهینه در این تحقیق در تمامی حالات کاهش یافته است. هم‌چنین با نگاه کلی به نتایج این جداول و جدول (۸) مشاهده می‌شود که هر چه ضرایب پراکندگی بار و مقاومت بیش‌تر شوند، وزن خرپای بهینه افزایش می‌یابد.

مثال ٤. در این مثال ابتدا تأثیر راهکارهای پیشنهادی در تحلیل قابلیت اعتماد گنبد ۱۲۰ میله‌ای (مطابق شکل ٦) ارزیابی می‌شود و پس از آن به بهینه‌یابی این سازه با استفاده از راهکارهای ارائه‌شده پرداخته می‌شود. ابعاد نشان داده‌شده در شکل مذکور بر حسب سانتی‌متر است. اعضای سازه مطابق شکل مذکور گروه‌بندی شده و سطح مقطع نظیر آن‌ها در جدول (۱۱) ارائه شده است. تنش تسلیم اعضا و بارهای وارد متغیرهای تصادفی نرمال غیرهمبسته است و رفتار مصالح در کشش و فشار یکسان فرض می‌شود. به کلیه‌ی نقاط آزاد این گنبد (نقاط غیر تکیه‌گاهی) بار قائم وارد می‌شود. میانگین بار قائم وارد بر تاج این گنبد برابر ٦۰ کیلو نیوتن، بارهای وارد به گره‌های تراز میانی ۳۰ کیلو نیوتن و بارهای وارد به گره‌های تراز تحتانی ۱۰ کیلو نیوتن فرض می‌شود. ضریب پراکندگی کلیه‌ی بارها ۰/۱ است. میانگین و ضریب پراکندگی مقاومت تسلیم اعضا به‌ترتیب برابر با ۲۷٦۰ کیلوگرم بر سانتی‌متر مربع و ۰/۰۳ است.

تحلیل این سازه نیز همانند خرپای ۲۵ میله‌ای بدون استفاده از راهکار اول ساعت‌ها به طول می‌انجامد و از سوی دیگر جمع احتمال وقوع چندین میلیون مسیر خرابی که اکثر آن‌ها همبسته است، عددی بسیار محافظه‌کارانه برای کران بالای احتمال خرابی سیستم سازه‌ای نتیجه می‌دهد. در حالی که در صورت استفاده از راهکار ۱ زمان محاسبات به ۲٤٤۷/۹ ثانیه کاهش می‌یابد. هم‌چنین کران فوقانی احتمال خرابی با استفاده از تکنیک‌های پیشنهادی برابر با $۲/۰۷۹٤\times۱۰^{-٦}$ محاسبه می‌شود که مراتب کوچک‌تر و به‌تر از مجموع احتمال خرابی اعضا یعنی $۳/۲۹٦\times۱۰^{-٤}$ است. نتایج تحلیل قابلیت اعتماد این خرپا با استفاده از راهکارهای پیشنهادی دوم سوم در جدول ۱۲ ارائه شده است. اعداد این جدول بر اساس $\eta = ۲$ به‌دست آمده است.



شکل ٦ گنبد ۱۲۰ میله‌ای مثال ٤

جدول ۱۱ سطح مقطع اعضای گروه گنبد مثال ٤

شماره گروه	سطح مقطع (سانتیمتر مربع)
۱	۲/۲۰
۲	٥/٤۰
۳	۲/۲۰
٤	٤/۸۰
٥	٤/۰۰
٦	٤/٦۰
۷	۳/۰۰

جدول ۱۲ تأثیر برخی راهکارهای پیشنهادی در مثال ٤

	راهکار ۱	راهکار ۱ و ۲	راهکار ۱ و ۳	با هر سه راهکار
زمان محاسبات (ثانیه)	۲٤٤۷/۹	۱۲٥/۳	۲۲٦٦/۱	۱۱٦/۰
تعداد مسیرهای خرابی محتمل	٤۸۰	٤۸۰	٤۸۰	٤۸۰
تعداد تحلیل قابلیت اعتماد	۲٤۷۳	۲٤۷۳	۲۳٤۷	۲۳٤۷

بارزترین نکته‌ای که از جدول (۱۲) استنباط می‌شود این است که استفاده از راهکار دوم یعنی روش بهبود یافته‌ی نیروها تأثیر بسیاری بر زمان تحلیل داشته است. سازه‌ی گنبدی مورد بحث ۱۱۱ درجه آزادی فعال گرهی و تنها ۹ درجه نامعینی استاتیکی دارد. این بدان معناست که در روش سختی دستگاه معادلات ۱۱۱×۱۱۱ باید حل شود در حالی که در روش نرمی پیشنهادی تنها به حل معادلات ۹×۹ احتیاج است. این تفاوت فاحش با توجه به کثرت دفعات تحلیل تأثیر بسیار مطلوبی داشته و حدود ۹٥ درصد زمان برنامه (بدون هیچ تغییری در تعداد مسیرهای خرابی یا در جواب مسأله) ذخیره شده است.

تعداد تحلیل‌های قابلیت اعتماد با توجه عملکرد عامل هوشمند فاز اول از ۲٤۷۳ به ۲۳٤۷ کاهش یافته است.

حال با استفاده از این راهکارها به بهینه‌یابی گنبد ۱۲۰ میله‌ای تحت قید قابلیت اعتماد پرداخته می‌شود. احتمال خرابی مجاز (قید مسأله) برابر با ۱×۱۰$^{-۵}$ است. در مسأله‌ی بهینه‌یابی مقاومت میله‌ی متغیرهای تصادفی با توزیع لوگ نرمال و ضریب همبستگی برابر با ۰/٥ فرض می‌شود. هم‌چنین بارهای وارده به سازه همگی متغیرهای تصادفی کاملاً همبسته و با توزیع نرمال در نظر گرفته می‌شوند.

هدف از ارائه‌ی این مثال اثبات عملی بودن امر بهینه‌یابی خرپاهای بزرگ تحت قید قابلیت اعتماد سازه‌ای است که با استفاده از راهکارهای پیشنهادی ممکن می‌گردد. تعداد تحقیقات انجام‌شده (در زمینه‌ی بهینه‌یابی تحت قید احتمال خرابی سیستم سازه‌ای) که در آن‌ها به‌صورت موفقیت‌آمیز به حل مثال‌های عددی بزرگ پرداخته شود کم بوده و تنها قاب‌ها و خرپاهای بسیار کوچک مورد بهینه‌سازی قرار گرفته است [33]. در این مثال هم‌چنین سعی شده است از فرضیاتی واقعی‌تر در مورد نوع توزیع و همبستگی متغیرهای تصادفی استفاده شود.

در این مثال از پنج پردازشگر موازی در امر بهینه‌یابی استفاده شد. در هر جزیره تعداد کل کروموزوم‌ها در هر نسل برابر با ۲۰ در نظر گرفته شده است لذا تعداد کل کروموزوم‌ها به‌ازای ٥۰۰ نسل برابر با ۱۰۰۰۰ می‌شود. تنها تحلیل یک کروموزوم بدون استفاده از راهکار اول چندین ساعت طول می‌کشد و به‌همین دلیل در تحقیقات گذشته کم‌تر به بهینه‌سازی چنین سازه‌هایی اقدام شده است.

از لیست مقاطع زیر در امر بهینه‌یابی استفاده می‌شود:

$$S=\begin{Bmatrix} 2.2,\ 2.4,\ 2.6,\ 2.8,\ 3.0,\ 3.2,\ 3.4,\ 3.6, \\ 3.8,\ 4.0,\ 4.2,\ 4.4,\ 4.6,\ 4.8,\ 5.0,\ 5.2 \\ 5.4,\ 5.6,\ 5.8,\ 6.0,\ 6.2,\ 6.4,\ 6.6,\ 6.8, \\ 7.0,\ 7.2,\ 7.4,\ 7.6,\ 7.8,\ 8.0,\ 8.2,\ 8.4 \end{Bmatrix}\ \left(Cm^2\right)$$

تعداد کروموزوم‌هایی که شایستگی آن‌ها توسط عامل هوشمند فاز دوم مورد ارزیابی قرار می‌گیرد،

به‌طور متوسط برابر با ۵۵۰۰ است. بنابراین مشابه آن‌چه در مثال قبل ذکر شد شایستگی بیش از نیمی از کروموزوم‌ها توسط عامل هوشمند فاز دوم تعیین می‌شود و زمان محاسبات به مراتب بیش از نصف تقلیل می‌یابد. عدم تحلیل تکراری این کروموزوم‌ها زمان محاسبات را به حدود یک سوم کاهش می‌دهد.

همان‌گونه که مشاهده شد تأثیر استفاده از روش جبری نیروها حدود ۹۵ درصد است و لذا در امر بهینه‌یابی از این روش به‌جای روش سختی استفاده شده است. هم‌چنین از همه‌ی عوامل هوشمند مصنوعی در این مثال استفاده شده است.

مشخصات سازه‌ی بهینه‌ی به‌دست آمده در نسل ٤٤٤ مطابق با جدول (۱۳) است. کران فوقانی و تحتانی احتمال خرابی سیستم سازه‌ای سازه‌ی بهینه به‌ترتیب برابر $۹/۸۰۷\times۱۰^{-٦}$ و $٦/۷٤۹\times۱۰^{-٦}$ به‌دست می‌آید.

جدول ۱۳ سطح مقطع سازه‌ی بهینه در مثال ٤

شماره گروه	CV_R : 0.03 CV_L :0.10 سطح مقطع (سانتی‌متر مربع)
۱	۲/۲
۲	٤/٤
۳	۲/۸
٤	۲/۲
۵	۲/۲
٦	۳/۸
۷	۲/۲
وزن (kg)	٤۳۰/۲۳۳

در این مثال برای تعیین زمان صرفه‌جویی شده در اثر استفاده از پردازش موازی، از حالت ساده‌ی الگوریتم یعنی از یک پردازشگر استفاده شد و هر ۱۰۰ کروموزوم در یک جزیره بهینه شدند. زمان محاسبات در این حالت به کمی بیش‌تر از ۵ برابر حالت موازی افزایش یافت. دلیل این امر مشابه مثال قبل، انجام سریع‌تر عملیاتی چون رتبه‌بندی کروموزوم‌ها، ادغام و برای ۲۰ کروموزوم نسبت به ۱۰۰ کروموزوم است و نتیجه‌ی به‌دست آمده مجدداً این است که زمان محاسبات در پردازش موازی جزیره‌ای رابطه‌ای معکوس و خطی با تعداد پردازشگرها دارد.

نتیجه‌گیری

در این تحقیق برای تسریع در روند تعیین مسیرهای خرابی محتمل و احتمال خرابی سیستم سازه‌ای سه راهکار و برای تسریع در امر بهینه‌یابی یک راهکار ارائه شد.

در راهکار اول، ابتدا احتمال وقوع یک مسیر خرابی با کوچک‌ترین احتمال مشترک هر یک از اعضای آن مسیر با اولین عضو تخمین زده شد. پس از آن از تولید شاخه‌های منشعب از عضوی که کوچک‌ترین احتمال مشترک را داشته‌است، جلوگیری گردید. دلیل این امر وابستگی این مسیرها بوده‌است و تولید آن‌ها چیزی به اجتماع رویدادهای خرابی سازه اضافه نمی‌کند. جلوگیری از تولید این گونه مسیرها دو مزیت مهم به دنبال داشت. اول این‌که تعداد زیادی از مسیرهای همبسته‌ی دیگر در جمع احتمال مسیرهای خرابی شرکت نکرد و کران بالای کوچک‌تری برای احتمال خرابی سیستم سازه‌ای به‌دست آمد. مزیت دوم به‌طور بدیهی کاهش حجم و زمان محاسبات بود. استفاده از این راهکار علاوه بر باریک کردن کرانه‌های احتمال خرابی، زمان محاسبات را از ۵۰ تا نزدیک به ۱۰۰ درصد کاهش داد. مجدداً یادآوری می‌شود که زمان تحلیل قابلیت اعتماد بدون استفاده از این راهکار معمولاً چندین ساعت است و لذا کاهش این زمان به چندین ثانیه به‌معنی کاهش حدود صد در صد است.

در این تحقیق به‌عنوان راهکار دوم روشی سریع برای تحلیل خرپا با توپولوژی متغیر و استفاده از آن در تحلیل قابلیت اعتماد ارائه شد. این امر با ایجاد بهبود

در روابط روش جبری نیروها حاصل شد. تحلیل خرپا با روش مرسوم سختی نیازمند حل دستگاه معادلات با اندازه‌ی تعداد درجات آزادی فعال گرهی است در حالی که در روش نرمی اندازه‌ی دستگاه معادلات به درجات نامعینی خرپا کاهش می‌یابد. در اکثر موارد تعداد درجات نامعینی کوچک‌تر از تعداد درجات آزادی فعال گرهی است. مزیت دیگر روش جبری نیروها نسبت به روش مرسوم سختی این است که نیروها به طور مستقیم و بدون واسطه تعیین می‌شود. با توجه به دفعات بسیار زیاد تحلیل خرپا در تعیین مسیرهای خرابی، استفاده از روش نرمی پیشنهادی باعث صرفه جویی قابل توجه ۲۰ تا ۹۵ درصدی در زمان محاسبات شد.

در این تحقیق به‌عنوان راهکار سوم از عامل هوشمند در دو فاز استفاده شد. از عامل هوشمند فاز اول در ذخیره‌سازی، شناسایی و کنترل مسیرهای خرابی استفاده شد که نتیجه‌ی آن جلوگیری از انجام عملیات بیهوده و تکراری و کاهش زمان محاسبات بود. از عامل هوشمند فاز دوم برای شناسایی کروموزوم‌های شایسته‌ی تکراری و تعیین شایستگی آن‌ها استفاده شد. همان‌گونه که بیان شد تحلیل این گونه کروموزوم‌ها زمان بسیار بیش‌تری نسبت به سایر کروموزوم‌ها صرف می‌کند. مطابق نتایج به‌دست آمده تأثیر این عامل هوشمند از عامل فاز اول به‌مراتب بیش‌تر بوده است. با استفاده از عامل هوشمند فاز دوم حدود ۷۰ درصد در زمان محاسبات صرفه‌جویی به‌دست آمد.

با استفاده از راهکار چهارم این تحقیق کروموزوم‌هایی که شایستگی کمی دارند در حین تحلیل و حتی در همان اوایل تحلیل شناسایی می‌شوند. کروموزوم‌هایی که احتمال خرابی آن‌ها به مقدار قابل توجهی با مقدار مجاز احتمال خرابی (قید طراحی) فاصله دارد در همان اوایل تحلیل شناخته می‌شوند و تحلیل آن‌ها زودتر از موعد مقرر پایان می‌یابد. استفاده از این راهکار باعث کوتاه شدن زمان تحلیل شد.

مراجع

۱. کاوه، ع. و کلات جاری، و.ر. «نظریه قابلیت اعتماد و کاربرد آن در مهندسی سازه»، دانشگاه علم و صنعت ایران. چاپ اول ۱۳۷۳.

2. Thoft-ChriStensen P., Murotsu, Y., "Application of Structural Systems Reliability Theory", Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, New York, Tokyo, (1986).
3. Melchers, R.E., Tang, L. K., "Dominant failure modes in stochastic structural systems", Struct. Safety, 2, pp. 127-143, (1984).
4. Xiao, Q., Mahadevan, S., "Fast failure mode identification for puctile structural system reliability", Struct. Safty, 13, pp. 207-226, (1994).
5. Togan, V., Daloglu, A., "Optimum design of a truss system under the constraint of failure probability", ARI, the Bulletin of the Istanbul Technical University, Volume 54, Number 5, (2005).
6. Togan, V., Daloglu, A. "Reliability and reliability - based design optimization", *Turkish J. Eng. Env. Sci.*, pp. 237-249, (2006).

۷. مستخدمین حسینی م. ر.، «بهینه‌یابی سازه‌های خرپایی براساس نظریه‌ی قابلیت اعتماد با استفاده از الگوریتم وراثتی اصلاح‌شده» پایان‌نامه کارشناسی ارشد، استاد راهنما: محمدرضا قاسمی، دانشکده عمران دانشگاه سیستان و بلوچستان،(۱۳۸۵)

8. Kaveh, A., Kalatjari, V., "Genetic algorithm for discrete-sizing optimal design of trusses using the

force method", *Int. J. Numer. Methods Eng., 55*, pp 55-72, (2002).
9. Kaveh, A., Kalatjari, V., "Size/Geometry Optimization of Trusses by the Force Method and Genetic Algorithm", Z. Angew. Math. Mech., 84, pp. 347-357, (2004).
10. Ranganathan, R., "Reliability Analysis & Design of Structures", McGraw-Hill, New Delhi, India, (2009).
11. Nowak, A.S., Collins, K.R., "Reliability of Structures", McGraw-Hill, International Edition, University of Michigan, USA, (2000).
12. Murotsu, Y., Okada, H., Yonezawa, M. Taguchi, K., "Reliability Assessment of Redundant Structure", 3rd Int. Conf. Struct. Safety Reliability (ed. Moan, T. & Shinozuka, M.), Elsevier, pp. 315-329, (1981).
13. Kaveh, A., "Structural Mechanics: Graph and Matrix Methods (3rd edn)". Research Studies Press (John Wiley), Somerset, UK, (2004).
14. Kaveh, A., "Optimal Structural Analysis", Research Studies Press (John Wiley), Chichester, UK, (2006).
15. Rahami, H., Kaveh, A., Gholipour, Y., "Sizing, geometry and topology optimization of trussesvia force method and genetic algorithm", Eng. Struct., 30(9), pp. 2360-2369, (2008).
۱۶. کاوه ،ع. ، نوید احسانی . ف. کلات جاری و. ر. «صلبیت توپولوژیکی سازه‌های مستوی و فضایی با استفاده از روش‌های گراف تئوریکی و جبری»، انتشارات مرکز تحقیقات ساختمان و مسکن، (۱۳۸۳).
17. Kaneko, I., Lawo, M., Thierauf, G., "On computational procedures for the force methods", Int. J. Numer. Meths Eng., 18, pp. 1469-1495, (1982).
18. Chapra, S.C., Raymond, P.C., "Numerical Methods in Engineering", New York, McGraw Hill, (1988).
19. Holland, J.H., "Adaptation in Natural and Arrtificial Systems",. MIT Press, Cambridge, MA, (1992).
20. Goldberg, D.E., "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley, Reading, MA, (1989).
21. Rajeev, S., Krishnamoorthy, C. S., "Discrete optimization of structures using Genetic algorithms", J. Struct. Eng., ASCE, 118, pp. 1233-1250, (1992).
22. Jenkins W. M., "A decimal-coded evolutionary algorithm for constrained optimization", Comput. Struct., 80, pp. 471-480, (2002).
23. Toğan, V., aloğlu, T. A., "An improved genetic algorithm with initial population strategy and self-adaptive member grouping". Comput. Struct., 86, pp. 1204-1218, (2008).
24. Tanimura, Y., Hiroyasu, T., Miki, M. , "Discussion on Distributed Genetic Algorithms for Designing Truss Structures". The 5th Int. Conf. Exhibition on High Performance Comput. Asia-Pacific Region, Queensland Australia, (2001).
25. Thierauf, G., Cai, J., "Parallelization of the Evolution Strategy for Discrete Structural Optimization Problems". Computer-Aided Civil Infrastruct. Eng., 13, pp. 23-30, (1998).
26. Rajan, S. D., Nguyen, D.T., "Design optimization of discrete structural systems using MPI-enabled genetic algorithm", Struct. Multidisc. Optim., 28, pp. 340–348, (2004).
27. Ghazi, A., Banan M.R., Ashrafizadeh, M., "Optimum Design of Space Truss Structures Using

Parallel Genetic Algorithm", 6th Int. Conf. Civil Eng. (ICCE 2003), Isfahahn – Iran, 5-7 May, (2003).

28. Miki, M., Hiroyasu, T., Kaneko, M., Hatanaka, K., "A parallel genetic algorithm with distributed environment scheme", in: Proc. IEEE Conf. Syst. Man Cybernetics, IEEE Press, pp. 695–700, (1999).
29. Miki, M., Hiroyasu, T., Hatanaka, K., "Parallel genetic algorithms with distributed-environment multiple population scheme", In: 3rd WCSMO World Congress Struct. Multidiscip., (1999).
30. Kojima, K., Ishigame, M., Chakraborty, G., Hatsuo, H., Makino S., "Asynchronous Parallel Distributed Genetic Algorithm with Elite Migration", Int. J. Comput. Intelligence, 4, 2, (2008).

۳۱. کلات جاری و. ر. ، طالب پور م. ح.، «آموزش کاهش تأثیر پارامترهای الگوریتم ژنتیک در بهینه‌یابی سطح مقطع و توپولوژی سازه‌های خرپایی توسط روش جستجوی چندمنظوره»، نشریه‌ی علمی پژوهشی فن‌آوری آموزش، سال چهارم، جلد چهارم، شماره ۱، (پاییز ۱۳۸۸).

32. Neapolitan, R., Naimipour, K., "Foundations of Algorithms Using C++ Pseudocode", Third Edition, Jones and Bartlett Publishers, (2004).
33. Tsompanakis, Y., Papadrakakis, M., "Large-scale reliability-based structural optimization", Struct. Multidiscip. Optim., 26, pp. 429–440, (2004).